

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 s. wi. Reg. ln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts	WEITERES VORGEHEN	siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5
51582AWOM1XX24-P		
Internationales Aktenzeichen	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr)	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr)
PCT/DE 99/ 01258	19/04/1999	28/04/1998
Anmelder		
METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 7 Blätter.

☒ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

- a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

- b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.

☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☒ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

4. Hinsichtlich der Bezeichnung der Erfindung

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

5. Hinsichtlich der Zusammenfassung

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der Zeichnungen ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. 1

☒ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

☐ keine der Abb.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01258

F Id I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erweisen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. **15, 25 und 35**
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

F Id II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. _____

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
(1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 15, 25 und 35

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäss Anspruch 14 erhältliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit, an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Der Patentanspruch umfasst daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihm versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 35 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 1 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

Erfindungen 2 bis 178, Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2 bis 157, 597 bis 617, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2-157, 597-617 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES		
IPK 6	C12N15/12 A61K38/17	C07K14/435 A61K48/00
	C12N15/63	C12N15/85
		C07K16/18
Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK		
B. RESEARCHIERTE GEBIETE		
Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)		
IPK 6 C12N C07K A61K		
Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen		
Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)		
C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 das ganze Dokument	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 das ganze Dokument	1,5-10, 38
<input checked="" type="checkbox"/> Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen <input checked="" type="checkbox"/> Siehe Anhang Patentfamilie		
° Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen : *A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist *E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist *L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt) *O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht *P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist *T* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist *X* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden *Y* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist *Z* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist		
Datum des Abschlusses der internationalen Recherche		Absendedatum des internationalen Recherchenberichts
13. Januar 2000		22.3.00 ¹
Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Bevollmächtigter Bediensteter Fuchs, U

THIS PAGE BLANK (USPTO)

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2. November 1995 (1995-11-02) Zusammenfassung SEQ ID NO: 6673 Seite 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, Bd. 208, Nr. 1, 16. Februar 1998 (1998-02-16), Seiten 25-30, XP004132007 Zusammenfassung Seite 27; Abbildung 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, 1. Oktober 1995 (1995-10-01), Seiten 825-829, XP000670300 Seite 827; Abbildung 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 273, Nr. 27, 3. Juli 1998 (1998-07-03), Seiten 16798-16809, XP002126819 Zusammenfassung Seite 16798, Spalte 1, Zeile 46 - Zeile 47 Seite 16801; Abbildung 1 Seite 16801, Spalte 1, Zeile 9 - Zeile 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 das ganze Dokument --- -/--	1,5-7, 10,24

THIS PAGE BLANK (USPTO)

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument -----	1-14, 16-24, 26-34, 36-38

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Information on patent family members

PCT/DE 99/01258

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (July 1992)

THIS PAGE BLANK (USPTO)

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

Applicant's or agent's file reference 51582AWOM1XX24-P	FOR FURTHER ACTION See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416)	
International application No. PCT/DE99/01258	International filing date (day/month/year) 19 April 1999 (19.04.99)	Priority date (day/month/year) 28 April 1998 (28.04.98)
International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C12N 15/12		
Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH		

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.	
2. This REPORT consists of a total of <u>9</u> sheets, including this cover sheet.	
<input type="checkbox"/>	This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).
These annexes consist of a total of _____ sheets.	
3. This report contains indications relating to the following items:	
I <input checked="" type="checkbox"/>	Basis of the report
II <input checked="" type="checkbox"/>	Priority
III <input checked="" type="checkbox"/>	Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
IV <input type="checkbox"/>	Lack of unity of invention
V <input checked="" type="checkbox"/>	Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
VI <input type="checkbox"/>	Certain documents cited
VII <input type="checkbox"/>	Certain defects in the international application
VIII <input checked="" type="checkbox"/>	Certain observations on the international application

Date of submission of the demand 26 October 1999 (26.10.99)	Date of completion of this report 02 August 2000 (02.08.2000)
Name and mailing address of the IPEA/EP Facsimile No.	Authorized officer Telephone No.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01258

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of (Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.):

- ☐ the international application as originally filed.
- ☒ the description, pages 1-199, as originally filed,
 pages _____, filed with the demand,
 pages _____, filed with the letter of _____,
 pages _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the claims, Nos. 1-38, as originally filed,
 Nos. _____, as amended under Article 19,
 Nos. _____, filed with the demand,
 Nos. _____, filed with the letter of _____,
 Nos. _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,
 sheets/fig _____, filed with the demand,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____.

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

- ☐ the description, pages _____
- ☐ the claims, Nos. _____
- ☐ the drawings, sheets/fig _____

3. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:

See the supplemental sheet.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01258

III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- ☐ the entire international application.
- ☒ claims Nos. 15, 25, 35-37.

because:

- ☐ the said international application, or the said claims Nos. _____
relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- ☒ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. 36-37
are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

See the supplemental sheet.

- ☐ the claims, or said claims Nos. _____ are so inadequately supported
by the description that no meaningful opinion could be formed.
- ☒ no international search report has been established for said claims Nos. 15, 25, 35.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.
PCT/DE 99/01258

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of *(Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.)*:

4...

- 1.1 The examination report is based on sheets 1-417 submitted with the letter of 20 October 1999, in which the sequence protocols are listed. The explanation that the subsequently submitted written sequence protocol does not go beyond the disclosure of the international application as filed was presented.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Supplemental Box

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of: BOXES II.3 and III

Box II

Priority

The application can claim the priority of the priority document, EP-99 926 275, filed on 28 April 1998, for the following range: Examples 1-3, Table 1 (partly, expression and function); SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 158, SEQ ID NO. 159, SEQ ID NO. 160. The P document (D6) is therefore not taken into consideration with regard to the novelty and/or inventive step of this range.

Box III

Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

1. No international search report was established for Claims 15, 25 and 35 and these claims were therefore not examined (PCT Rule 66.1(e)).
2. Claims 36 and 37 appear *de facto* to refer to Claim 35 and not Claim 33 and therefore were not examined either.
3. Inventions 2 to 178 (see form PCT/ISA/206) were not searched and cannot therefore be the subject of an international preliminary examination report (PCT Rule 66.1(e)).

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.
PCT/DE 99/01258**V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement****1. Statement**

Novelty (N)	Claims	3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34	YES
	Claims	1, 2, 4-10, 14, 16-18, 23, 33, 38	NO
Inventive step (IS)	Claims		YES
	Claims	3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34	NO
Industrial applicability (IA)	Claims	1-14, 16-24, 26-34, 38	YES
	Claims		NO

2. Citations and explanations

1. Reference is made to the following documents; their numbering corresponds to the order in which they are listed in the international search report:

D1: EMBL Datenbank, Entry No. AL020991, 12
December 1997

D2: EMBL Datenbank, Entry No. AA554484, 11
September 1997

D3: EP-A-0 679 716, 2 November 1995

D4: MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL, GENE, Vol. 208, No.
1, 16 February 1998, pages 25-30

D5: YOKOYAMA, M. ET AL., INTERNATIONAL JOURNAL OF
ONCOLOGY, Vol. 7, No. 4, 1 October 1995, pages
825-829

D6: SURINYA, K.H. ET AL., JOURNAL OF BIOLOGICAL
CHEMISTRY, Vol. 273, No. 27, 3 July 1998,
pages 16798-16809.

2. The present application does not meet the requirements of PCT Article 33(2) because the subject matter of Claims 1, 2, 4-10, 14, 16-18, 23, 33 and 38 is not novel, that is, it is anticipated by the prior art as defined in the Regulations (PCT Rule 64.1-64.3).

THIS PAGE BLANK (USPTO)

The application concerns partial human nucleic acid sequences that display a different expression pattern in tumour tissues, when compared with normal tissues. Firstly tissue-specific sequences were assembled by an electronic comparison of ESTs. The thus assembled sequences of the respective tissues were then compared with one another and sequences that are specific to the first or second tissues were identified, as well as those sequences that occur in both tissues (electronic Northern Blot). SEQ ID No. 1 (see page 10 of the description) is found in various normal tissues and in the following tumour tissues: bladder, brain, kidneys and pancreas. According to Table 1, the sequence of SEQ ID No. 1 is overexpressed in pancreatic tumour tissue and its function is unknown.

D6 (cited only as technical evidence) concerns the characterisation of the human ALAS2 gene. It follows from D6 (page 16801, left-hand column, lines 9-13), that SEQ ID No. 1 is found in the 3' region of the last exon of ALAS2.

- 2.1 The subject matter of Claims 1, 2, 4-7, 10, 23 and 33 is not novel over D1.

D1 discloses the sequence (114173 Bp) of the PAC clone 884M20. The sequence of D1 is 99.7% identical to SEQ ID No. 1 (1202 Bp) in 1168 Bp overlapping. Moreover, the sequence of D1 is 99.6% identical to SEQ ID No. 158 (293 As) in 268 As overlapping, 97.8% identical to SEQ ID No. 159 (131 As) in 90 As overlapping and 100% identical to SEQ ID No. 160 (94 As) in 94 As overlapping.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

- 2.2 The subject matter of Claims 1, 2, 5-10 and 38 is not novel over D2.

D2 discloses the sequence (440Bp) of an EST from a human lung tumour. The sequence of D2 is 98.4% identical to SEQ ID No. 1 (1202 Bp) in 440 Bp overlapping.

- 2.3 The subject matter of Claims 1, 2, 5, 7-10, 14 and 38 is not novel over D3.

D3 provides a 3'-oriented cDNA library which represents the relative frequency of various mRNAs in various human cell and tissue types. The cDNAs can be used as probes for cloning the corresponding gene or for producing medicaments (page 2, lines 53-58). SEQ ID No. 6673 (325Bp) of D3 is 92.6% identical to SEQ ID No. 1 (1202 Bp) in 312 Bp overlapping and, according to D3, is expressed in the intestines.

- 2.4 Claims 16-18 comprise all human cells, since *a priori* it cannot be determined whether the nucleic acid sequence of SEQ ID No. 1 belongs to the heterologous part of its expressible genetic information or not.

- 2.5 The subject matter of Claims 3, 11-13, 19-22, 24, 26-32 and 34 appears to be novel over the available prior art.

3. The present application does not meet the requirements of PCT Article 33(3) because the subject matter of Claims 3, 11-13, 19-22, 24, 26-32 and 34 does not involve an inventive step, that is

THIS PAGE BLANK (USPTO)

it should be considered obvious to a person skilled in the art from the prior art as defined in the Regulations (PCT Rule 65.1-65.2).

3.1 The subject matter of Claims 11-13, 19-22, 24, 26 and 34 concerns embodiments (fragments, expression cartridges, transformed host cells, antibodies, polypeptides, etc.) which are familiar to a person skilled in the art. They would be considered inventive only if they involved a novel and inventive sequence. This is not the case for Claims 11-14 and 19-22, and therefore the subject matter of these claims does not meet the requirements of PCT Article 33(3).

3.2 Claims 3 and 27-32 concern SEQ ID No. 1, polypeptide sequences coded thereby and their use as tools for finding active substances against pancreatic tumours or for producing medicaments. These claims do not meet the requirements of PCT Article 33(3) either.

Document D4 (abstract), which is considered the closest prior art, discloses the identification of an antigen, TM4SF5, which is associated with pancreatic cancer, and its use for diagnosis and therapy.

The subject matter of Claim 3 differs from D4 in that it claims a novel sequence that is overexpressed in pancreatic tumour tissue.

The present invention can therefore be considered to address the problem of providing an alternative pancreatic tumour-associated sequence.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

The solution proposed in Claim 3 of the present application cannot be considered inventive (PCT Article 33(3)) for the following reasons:

A random selection from a number of possible sequences (according to Table I of the description, approximately 160 sequences are overexpressed in the tumour) cannot involve an inventive step, since a selection must fulfil a technical purpose in order to meet the requirements of PCT Article 33(3), that is it must show a hitherto unknown or unexpected technical effect which results from the structural properties that distinguish the claimed sequence from all other possible solutions.

SEQ ID No. 1 does not meet these requirements, as the description does not disclose any unknown or unexpected technical effect that would distinguish this sequence from all others.

Claims 27-32 concern embodiments to which, in principle, the same arguments apply as in point 3.1.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

VIII. Certain observations on the international application

The following observations on the clarity of the claims, description, and drawings or on the question whether the claims are fully supported by the description, are made:

1. PCT Articles 5 and 6

- 1.1 No disclosure within the meaning of PCT Article 5 and no support within the meaning of PCT Article 6 are found in the application for the use of SEQ ID No. 1 and the polypeptide sequences coded thereby as tools for finding active substances against pancreatic tumour or for producing medicaments. Consequently, the claimed uses and medicaments (Claims 27-32) are regarded as purely speculative.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

4
T

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)

REC'D 04 AUG 2000

WIPO



PCT

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51582AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416)	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01258	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 19/04/1999	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Tag) 28/04/1998
Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/12		
Anmelder METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		

1. Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.
2. Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 9 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.
☐ Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).
Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.

3. Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:

- I ☒ Grundlage des Berichts
- II ☒ Priorität
- III ☒ Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit
- IV ☐ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung
- V ☒ Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderische Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung
- VI ☐ Bestimmte angeführte Unterlagen
- VII ☐ Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung
- VIII ☒ Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Datum der Einreichung des Antrags 26/10/1999	Datum der Fertigstellung dieses Berichts 02.08.2000
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde:  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter Morawetz, R Tel. Nr. +49 89 2399 8155 

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01258

I. Grundlag des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt, weil sie keine Änderungen enthalten.*):

Beschreibung, Seiten:

1-199 ursprüngliche Fassung

Patentansprüche, Nr.:

1-38 ursprüngliche Fassung

Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung, Seiten:
- ☐ Ansprüche, Nr.:
- ☐ Zeichnungen, Blatt:

3. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

siehe Beiblatt

II. Priorität

1. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung der beanspruchten Priorität erstellt worden, da folgende angeforderte Unterlagen nicht innerhalb der vorgeschriebenen Frist eingereicht wurden:
- ☐ Abschrift der früheren Anmeldung, deren Priorität beansprucht worden ist.
 - ☐ Übersetzung der früheren Anmeldung, deren Priorität beansprucht worden ist.
2. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung der beanspruchten Priorität erstellt worden, da sich der Prioritätsanspruch als ungültig herausgestellt hat.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01258

Für die Zwecke dieses Berichts gilt daher das obengenannte internationale Anmeldedatum als das maßgebliche Datum.

3. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

siehe Beiblatt

III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erfinderischer Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

☐ die gesamte internationale Anmeldung.

☒ Ansprüche Nr. 15, 25, 35-37.

Begründung:

☐ Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):

☒ Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. 36, 37 sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):

siehe Beiblatt

☐ Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.

☒ Für die obengenannten Ansprüche Nr. 15, 25, 35 wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche	3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34
	Nein: Ansprüche	1, 2, 4-10, 14, 16-18, 23, 33, 38
Erfinderische Tätigkeit (ET)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34
Gewerbliche Anwendbarkeit (GA)	Ja: Ansprüche	1-14, 16-24, 26-34, 38
	Nein: Ansprüche	

THIS PAGE BLANK (USPTO)

2. Unterlagen und Erklärungen

siehe Beiblatt

VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

siehe Beiblatt

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Zu Punkt I

Grundlage des Prüfungsberichts

- 1.1. Der Prüfungsbericht basiert auf den mit Schreiben vom 20.10.1999 eingereichten Blättern 1-417 mit Sequenzprotokollen. Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

Zu Punkt II

Priorität

Die Anmeldung kann die Priorität des Prioritätsdokuments EP99926275, eingereicht am 28.04.1998, für den folgenden Bereich in Anspruch nehmen: Beispiele 1-3, Tabelle 1 (teilweise, Expression und Funktion), SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:158, SEQ ID NO:159, SEQ ID NO:160. Das "P" Dokument (D6) wird folglich hinsichtlich Neuheit und/oder erfinderische Tätigkeit für diesen Bereich nicht in Betracht gezogen.

Zu Punkt III

Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

1. Für Ansprüche 15, 25, und 35 wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt, diese Ansprüche werden folglich nicht geprüft (Regel 66.1 (e) PCT).
2. Ansprüche 36 und 37 scheinen sich defakto auf Anspruch 35 und nicht Anspruch 33 zu beziehen und werden daher auch nicht geprüft.
3. Erfindungen 2 bis 178 (siehe Formblatt PCT/ISA/206) wurden nicht recherchiert und können daher nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein (Regel 66.1 (e) PCT).

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Zu Punkt V

Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Es wird auf die folgenden Dokumente verwiesen, die Numerierung entspricht der Auflistung der Dokumente in dem internationalen Recherchenbericht:

D1: EMBL Datenbank, Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997

D2: EMBL Datenbank, Eintrag No. AA554484 11. September 1997

D3: EP-A-0 679 716, 2. November 1995

D4: MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL., GENE, Bd. 208, Nr. 1, 16. Februar 1998, Seiten 25-30

D5: YOKOYAMA, M. ET AL., INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, 1. Oktober 1995, Seiten 825-829

D6: SURINYA, K.H. ET AL., JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 273, Nr. 27, 3. Juli 1998, Seiten 16798-16809

2. Die vorliegende Anmeldung erfüllt nicht die Bedingung des Artikel 33(2) PCT, da der Gegenstand der Ansprüche 1, 2, 4-10, 14, 16-18, 23, 33, 38 nicht neu ist, d.h. durch den Stand der Technik, wie er in der Ausführungsordnung umschrieben ist, vorweggenommen ist (Regel 64(1)-(3) PCT).

Die Anmeldung betrifft partielle menschliche Nukleinsäuresequenzen welche ein unterschiedliches Expressionsmuster in Tumorgewebe verglichen mit normalen Gewebe zeigen. Zunächst wurden gewebespezifische Sequenzen durch einen elektronischen Vergleich von ESTs assembliert. Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend miteinander verglichen und Sequenzen identifiziert, welche für das erste bzw. zweite Gewebe spezifisch sind, sowie solche, die in beiden vorkommen (elektronischer Northern Blot).

SEQ ID NO:1 (siehe Seite 10 der Beschreibung) findet sich in diversen normalen Geweben und in den folgenden Tumorgeweben: Blase, Gehirn, Niere und Pankreas. Laut Tabelle 1 ist die Sequenz der SEQ ID NO:1 im Pankreastumorgewebe überexprimiert. Die Funktion dieser Sequenz ist laut



Tabelle 1 unbekannt.

D6 (nur als technische Evidenz zitiert) betrifft die Charakterisierung des menschlichen ALAS2 Gens. Aus D6 (Seite 16801, linke Spalte, Zeile 9-13) ergibt sich, daß die SEQ ID NO:1 im 3' Bereich des letzten Exons von ALAS2 liegt.

- 2.1. Der Gegenstand der Ansprüche 1, 2, 4-7, 10, 23, 33 ist nicht neu gegenüber D1.

D1 offenbart die Sequenz (114173 Bp) von dem PAC Klon 884M20. Die Sequenz von D1 zeigt 99.7% Identität mit SEQ ID NO:1 (1202 Bp) in 1168 Bp Überlappung. Die Sequenz von D1 zeigt des weiteren 99.6% Identität mit SEQ ID NO:158 (293 As) in 268 As Überlappung, 97.8% Identität mit SEQ ID NO:159 (131 As) in 90 As Überlappung und 100% Identität mit SEQ ID NO:160 (94 As) in 94 As Überlappung.

- 2.2. Der Gegenstand der Ansprüche 1, 2, 5-10, 38 ist nicht neu gegenüber D2.

D2 offenbart die Sequenz (440 Bp) eines EST aus einem human Lungen Tumor. Die Sequenz von D2 zeigt 98.4% Identität mit SEQ ID NO:1 (1202Bp) in 440 Bp Überlappung.

- 2.3. Der Gegenstand der Ansprüche 1, 2, 5, 7-10, 14, 38 ist nicht neu gegenüber D3.

D3 stellt eine 3' orientierte cDNA Bibliothek zur Verfügung welche die relative Häufigkeit verschiedener mRNA in diversen menschlichen Zell- und Gewebetypen repräsentiert. Die cDNAs können als Sonden zur Klonierung des entsprechenden Gens oder zur Herstellung von Medikamenten verwendet werden (Seite 2, Zeile 53-58). SEQ ID NO:6673 (325 Bp) von D3 zeigt 92.6% Identität mit SEQ ID NO:1 (1202Bp) in 312 Bp Überlappung und wird laut D3 im Eingeweide exprimiert.

- 2.4. Ansprüche 16 - 18 umfassen jede menschliche Zelle, da a priori nicht festgestellt werden kann ob die Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO:1 zum heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information gehört oder nicht.

- 2.5. Der Gegenstand der Ansprüche 3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34 scheint im Hinblick auf den verfügbaren Stand der Technik neu zu sein.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

3. Die vorliegende Anmeldung erfüllt nicht die Bedingung des Artikel 33(3) PCT, da der Gegenstand der Ansprüche 3, 11-13, 19-22, 24, 26-32, 34 nicht auf einer erfinderischen Tätigkeit beruht, d.h. für einen Fachmann nach dem Stand der Technik, wie er in der Ausführungsordnung umschrieben ist, als naheliegend anzusehen ist (Regel 65(1)-(2) PCT).
- 3.1. Der Gegenstand der Ansprüche 11-13, 19-22, 24, 26, 34 bezieht sich auf Ausführungsbeispiele (Fragmente, Expressionskassetten, transformierte Wirtszellen, Antikörper, Polypeptide, etc.) welche dem Fachmann geläufig sind. Diese würden nur als erfinderisch betrachtet werden, falls sie auf einer neuen und erfinderischen Sequenz beruhen würden. Für Ansprüche 11-14, 19-22 ist das nicht der Fall, der Gegenstand dieser Ansprüche erfüllt daher nicht die Bedingungen des Artikel 33(3).
- 3.2. Ansprüche 3, 27-32 richten sich auf SEQ ID NO:1, davon kodierte Polypeptidsequenzen und deren Verwendung als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Pankreastumor oder zur Herstellung von Arzneimitteln. Diese Ansprüche erfüllen ebenfalls nicht die Bedingungen des Artikel 33(3) PCT.

Dokument D4 (Zusammenfassung) das als nächstliegender Stand der Technik angesehen wird, offenbart die Identifizierung eines mit Pankreas Krebs assoziierten Antigens TM4SF5 und dessen Verwendung für die Diagnose bzw. Therapie.

Der Gegenstand des Anspruchs 3 unterscheidet sich von D4 insofern als er eine neue Sequenz beansprucht die im Pankreastumorgewebe überexprimiert wird.

Die mit der vorliegenden Erfindung zu lösende Aufgabe kann somit darin gesehen werden, eine alternative Pankreastumor-assoziierte Sequenz bereitzustellen.

Die in Anspruch 3 der vorliegenden Anmeldung vorgeschlagene Lösung kann aus folgenden Gründen nicht als erfinderisch betrachtet werden (Artikel 33(3) PCT):

Eine zufällige Auswahl aus einer Vielzahl an möglichen Sequenzen (laut Beschreibung, Tabelle I werden ca. 160 Sequenzen im Tumor überexprimiert)

THIS PAGE BLANK (USPTO)

kann auf keiner erfinderischen Tätigkeit beruhen, denn eine Auswahl muß, um die Bedingungen von Artikel 33 (3) zu erfüllen, einen technischen Zweck erfüllen, d.h. einen bisher unbekannten oder unerwarteten technischen Effekt aufweisen der aus den strukturellen Eigenschaften die die beanspruchte Sequenz von allen anderen möglichen Lösungen unterscheidet resultiert.

SEQ ID NO:1 erfüllt diese Bedingungen nicht, die Beschreibung offenbart keinerlei unbekannten oder unerwarteten technischen Effekt der diese Sequenz von allen anderen unterscheiden würde.

Ansprüche 27-32 beziehen sich auf Ausführungsbeispiele für welche im Prinzip dieselbe Argumentation wie unter V.3.1. bereits ausgeführt, gilt.

Zu Punkt VIII

Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

1. Artikel 5 und 6 PCT

- 1.1. Die Anmeldung liefert keine Offenbarung im Sinne von Artikel 5 PCT bzw. keine Unterstützung im Sinne von Artikel 6 PCT für die Verwendung von SEQ ID NO:1 und davon kodierten Polypeptidsequenzen als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Pankreastumor oder zur Herstellung von Arzneimittel. Die beanspruchten Verwendungen und Arzneimittel (Ansprüche 27-32) werden daher als rein spekulativ betrachtet.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :

C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63,
15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858

(43) Internationales
Veröffentlichungsdatum:

4. November 1999 (04.11.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258

(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-
GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG
MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig
(DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse
6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,
CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,
NL, PT, SE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE

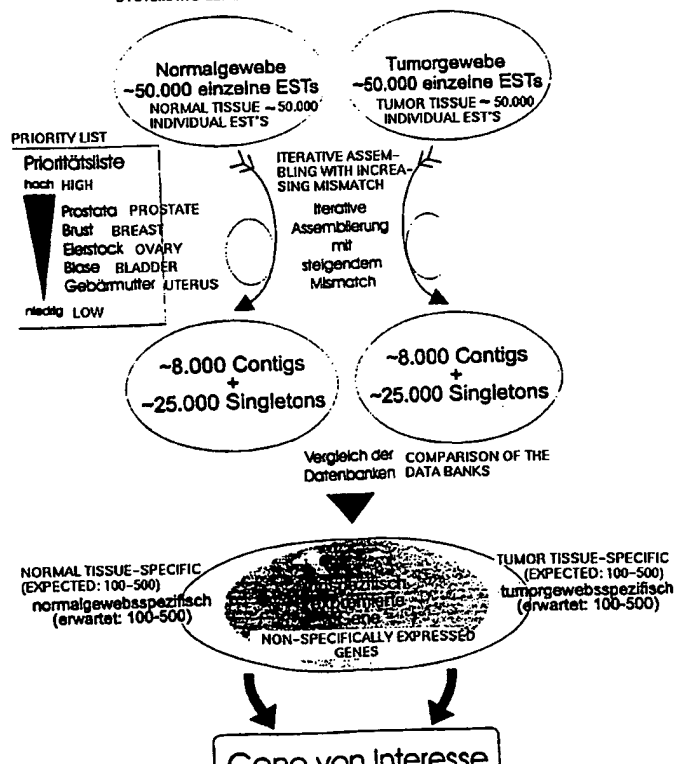
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauritanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 158-596, 618-659 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-157, 597-617 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

15

20

25

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und

Beispi l 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 .x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0038		0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duenn darm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1809
	Gastrointestinal	0.0361
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0433
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0640
	Lunge	0.0361
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust	0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0080
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0186			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duenndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
60	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103	0.0062	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	0.0000	undef	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	0.0000	undef	
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0021	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	0.0000	undef	
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	0.0000	undef	
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0106					
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
45	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
60	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0012					
65	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0285					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0612
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0412	0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0026		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0060		0.0078		0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0030		0.0021		1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointental 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefasse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156		
	Zervix	0.0213		

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0142
	Lunge 0.0072
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0068
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0051		0.0075		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0150		0.0052		2.8781	0.3474
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0201		0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096		0.0051		1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0275		0.0000	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0010		0.0061		0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0120		0.2856	3.5020
	Niere	0.0081		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000		0.0221		0.0000	undef
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0021		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0267					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0122					
70	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
-	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0250
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0164	0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0082	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017	0.0442	0.0374	26.7427
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0972	
	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.0410	
	Nerven	0.0131	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.0046	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0166	0.0000	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
40	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
50	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
60	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
65	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
65	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0038		0.0019		2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0025		2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0007		0.0021		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	-Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
75	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0708			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0038		0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0050		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0031		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
75	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0185	3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
20	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0244			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0046		0.0000	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0166		0.0997	10.0285
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
	Niere	0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469	0.1130
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointental	0.0139			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust	0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duendarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.1224			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0544
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
25	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.2542	0.1011	9.8931
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.7538
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0340
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0366
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn	0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0180	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0111	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0108	
45	Nebenniere	0.0507	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0231	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0161	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0464	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0456
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0050		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0031		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0331		0.0499	20.0570
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0213		0.3071	3.2564
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	-Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	0.0075	3.0509	0.3278	
	Brust	0.0090	0.0075	0.0075	1.1909	0.8397	
	Duennndarm	0.0092	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	0.0000	undef	
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.0113	0.3927	2.5464	
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0095	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0083	0.0020	0.0020	4.0643	0.2460	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0077	0.0000	undef	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0060	0.0000	undef	
20	Niere	0.0109	0.0205	0.0205	0.5287	1.8915	
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0166	0.0000	undef	
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0085	0.0000	undef	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	0.0068	2.2445	0.4455	
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0408
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointental	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0244	0.0092	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0753			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0051		1.5254	0.6555
	Brust	0.0064		0.0038		1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0075		0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0030		0.0062		0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0056					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0070					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0080
65	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0026		1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0100		0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0059		0.0021		2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0031		0.0041		0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0193		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef
	Pankreas	0.0000		0.0221		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0021		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205		0.0075	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0031		0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210		0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096		0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037		0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef
	Herz	0.0106		0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073		0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0360	0.3331	3.0017
	Niere	0.0054		0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017		0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120		0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
35	Samenblase	0.0089				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.0000				
		FOETUS				
40	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0118				
45	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0000				
	Lunge	0.0108				
50	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Placenta	0.0061				
	Prostata	0.0499				
55	Sinnesorgane	0.0000				
	Brust	0.0952				
	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0051				
60	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0064				
	Gastrointestinal	0.0122				
	Haematopoetisch	0.0000				
65	Haut-Muskel	0.0194				
	Hoden	0.0154				
	Lunge	0.0246				
	Nerven	0.0010				
	Prostata	0.0068				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0125				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

WO 99/55858

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

WO 99/55858

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

WO 99/55858

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefasse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
40	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
50	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
55	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0204
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
65	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
70	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
75	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0256	1.9831	0.5043
	Brust	0.0281	0.0263	1.0694	0.9351
	Duenn darm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0104	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0100	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0192	0.0359	0.5348	1.8698
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0350	0.0962	0.3635	2.7513
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0291	0.0245	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0600	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.0994	0.0499	20.0570
	Penis	0.0269	0.0800	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0550	0.0263	2.0902	0.4784
	Duenndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329	0.0338	0.9741	1.0265
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0139	3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222	0.0308	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0286	0.0275	1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395	0.0164	2.4132	0.4144
	Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0077	11.3448	0.0881
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0420	1.2646	0.7908
20	Niere	0.0244	0.0548	0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0255	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0958			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0167	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0118	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0520	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0325	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0494	
	Placenta	0.0909	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0309	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1772			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
70	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
75	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0052	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0188	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0108	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 597

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025		0.0000		undef	0.0000
	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0009		0.0042		0.2087	4.7908
	Dickdarm	0.0000		0.0057		0.0000	undef
	Duenndarm	0.0027		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0019		0.0018		1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0221		0.0000	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	T_Lymphom	0.0000		0.0075		0.0000	undef
	Uterus	0.0015		0.0000		undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0136					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0010					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0068					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 598

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0155	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0275	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0273	0.0300	0.9123	1.0962
	T_Lymphom	0.0076	0.0224	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 599

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.0164	0.4741	2.1091	
	Brust	0.0009	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Dickdarm	0.0057	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duenndarm	0.0055	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
10	Eierstock	0.0237	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	0.0035	1.8107	0.5523	
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.0050	0.5803	1.7234	
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0030	0.0137	0.0137	0.2215	4.5144	
	Hoden	0.0040	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0126	0.0018	0.0018	6.8408	0.1462	
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0256	0.0256	0.0000	undef	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0048	0.0000	undef	
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0331	0.0997	10.0282	
	Prostata	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus	0.0074	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haematopoetisch	0.0027					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0204					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden_n	0.0209					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0225					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 600

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0044	0.0014	3.1311	0.3194
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0140	0.3730	2.6808
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0111	0.4385	2.2804
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3992
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 601

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 602

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 603

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0141	0.0028	0.0028	0.0028	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.2491	0.0199	0.0199	0.0199	12.4946	0.0800
	Duenndarm	0.1949	0.5326	0.5326	0.5326	0.3659	2.7333
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.0072	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0035	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0381	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0204	0.0055	0.0055	0.0055	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0064	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.0096	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0017	0.1105	0.1105	0.1105	0.0150	66.8548
	Prostata	0.0047	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0235					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0340					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0610					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0098					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 604

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0028	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0055	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0057	0.0078	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 605

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0400	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0329	0.2371	4.2182
	Brust	0.0141	0.0197	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0345	0.0171	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0384	0.0320	1.2024	0.8317
10	Eierstock	0.0089	0.0215	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0319	0.8551	1.1695
	Gehirn	0.0312	0.0299	1.0445	0.9574
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0317	0.4395	2.2755
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0361	0.0710	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0126	0.0351	0.3600	2.7775
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0384	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0185	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0179	0.0193	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8498
	Prostata	0.0160	0.0182	0.8786	1.1382
	T_Lymphom	0.0278	0.0149	1.8596	0.5377
	Uterus	0.0177	0.0046	3.8554	0.2594
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0267			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1469			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0833			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0465			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 606

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 607

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0014	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.0057	0.6728	1.4864	
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.0038	0.8479	1.1794	
	Gehirn	0.0054	0.0060	0.0060	0.9068	1.1028	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0127	0.0000	undef	
15	Herz	0.0010	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0039	0.0055	0.0055	0.7016	1.4253	
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0064	0.0000	undef	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.0037	0.4639	2.1557	
20	Niere	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0166	0.0997	10.0286	
	Prostata	0.0038	0.0013	0.0013	2.8940	0.3455	
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0075	0.0000	undef	
	Uterus	0.0015	0.0138	0.0138	0.1123	8.9083	
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0013					
	Penis	0.0054					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0097					
60	Hoden_n	0.0125					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0070					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0310					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 608

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0037	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 609

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0078	0.0023	0.0023	3.3190	0.3013	
	Brust	0.0035	0.0042	0.0042	0.8349	1.1977	
	Dickdarm	0.0115	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duenndarm	0.0137	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.0143	0.2074	4.8219	
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0160	0.0160	0.4024	2.4852	
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.0080	0.5077	1.9696	
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0080	0.0059	0.0059	1.3571	0.7369	
	Lunge	0.0049	0.0055	0.0055	0.8770	1.1402	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0064	0.0000	undef	
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	0.0037	1.8555	0.5389	
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0048	0.0000	undef	
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0166	0.0997	10.0282	
	Prostata	0.0104	0.0026	0.0026	3.9794	0.2513	
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.0075	0.6762	1.4788	
	Uterus	0.0044	0.0046	0.0046	0.9638	1.0375	
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0070					
	Sinnesorgane	0.0118					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0122					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0010					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0090					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 610

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0042	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 611

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0019	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.0018	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0275	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.0037	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0166	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0000	0.0039	0.0039	0.0039	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0520					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0612					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0209					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0042					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0010					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0045					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 612

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 613

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000		0.0000		undef	undef
	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000		0.0028		0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Eierstock	0.0000		0.0024		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0029		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Prostata	0.0009		0.0013		0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus	0.0015		0.0000		undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0251					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0042					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 614

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0272	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0057	3.1090	0.3216
	Gehirn	0.0030	0.0130	0.2325	4.3010
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7510
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0143
	Prostata	0.0094	0.0078	1.2058	0.8293
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 615

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0028	0.3131	3.1939
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3703
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 616

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0071	1.5844	0.6312
	Gehirn	0.0075	0.0070	1.0776	0.9280
	Haut	0.0037	0.0394	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5712
	Prostata	0.0094	0.0065	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 617

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0000	0.0023	0.0023	0.0000	undef	
	Brust	0.0018	0.0028	0.0028	0.6262	1.5969	
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.0028	0.6728	1.4864	
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.0072	0.4148	2.4110	
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0019	0.0019	0.8479	1.1794	
	Gehirn	0.0036	0.0020	0.0020	1.8135	0.5514	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0127	0.0000	undef	
15	Herz	0.0051	0.0137	0.0137	0.3692	2.7087	
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0118	0.0000	undef	
	Lunge	0.0019	0.0055	0.0055	0.3508	2.8506	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.0037	0.9278	1.0778	
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0166	0.0000	undef	
	Prostata	0.0028	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0046	0.0000	undef	
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0054					
	Samenblase	0.0070					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
35	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000					

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (j : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

5 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

10 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der
15 vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

20 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500
25 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView"-Programms der Genome Database (GDB),
30 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

35 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-
40 550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes
45 (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

B ispiel 5**G winnung von g nomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
- 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
22	266/N/19	393/M/5	504/A/18

TABELLE I

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
1	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	AP_endonuclease1	Xp11.22	AFM106xa3 - SHGC-32184
2	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	rrm; PRO_RICH		
3	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus chromaffin granule ATPase II		3p14.1-p21.1	SHGC-36252 - AFMb318yf1
4	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q32.13-q32.31	D14S78 - D14S292
5	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HMG-1	PRO_RICH; HMG; NLS_BP		
6	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NY-CO-41			
7	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	19p13.3	WI-6480
8	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus GOB-4		7p21.3	AFMb355wg1 - SHGC-17250
9	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus epsilon-COP			
10	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	4q23-q26	D4S1572 - D4S1571
11	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.2,3	D9S158
12	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X. laevis dependent RNA helicase	DEAD; helicase_C	5q34-q351.	D5S498-D5S408
13	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p23.1	D8S277-D8S503
14	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH; NLS_BP	9q34.13-q34.2	D9S1818-D9S158
15	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q21.3-q22.1	SHGC-30283
16	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
17	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		15q23	D15S114 - D15S1329
18	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p11.2-q13.1	D11S1368 - SHGC-31731

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
19	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34	
20	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q31.3-q32.11	AFMa116zf5 - D14S968
21	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	EGF;	11q13.1-q13.4	D11S913 - D11S951E
22	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13	SHGC-52575
23	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	lactamase_B	12q24.22-q24.23	AFMa225xe5 - SHGC-10488
24	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE;	3p21.1-p21.2	SHGC-14816 - WI-7113
25	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.1.q13.4	D11S913-D11S1337
28	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
29	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-37613 - AFM029XH12
30	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q36.2-q36.3	
31	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
32	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p22.3-p22.1	D7S2477 - D7S517
33	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
34	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
35	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p11.23-p13.11	D12S1629 - D12S1922
36	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus NIK	PRO_RICH; ROM_MOTIF; CNH		

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
38	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu molybdoterin biosynthesis MOEB protein unbekannt	ThiF_family;	3q23	
39	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		22q13.2-q13.32	IB1149 - D22S270
40	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q33-q35	WI-9353
41	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q22.3-q23.2	D11S1347 - D11S908
42	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Fas-ligand associated factor 3	SH3; PRO_RICH		
43	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SH3P7	cofilin_ADF; SH3	7p12.2-p13	D7S519 - D7S506
44	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans FER-1	PRO_RICH; PRO_RICH; C2_DOMAIN_2	10q23.1	D10S583; D10S185
45	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. griseus ars2		7q22.1	sWSS3840
46	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu einem man(9)-alpha-mannosidase ähnlichen Protein aus C. elegans		9	SHGC-37250
47	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	JM4		Xp21.1-Xp11.23	SHGC-17255 - SHGC-37390
48	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu cyclin C (CCNC)	PRO_RICH		
49	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu VAMP associated protein of 33kDa		20q12-q13.33	
50	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Prepromultimerin	PRO_RICH	10q23.1	D10S564 - SHGC-15188
51	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	AFM273ve9 - SHGC-30574
52	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Fructose-1,6-biphosphatase		9q22.2	AFM212yb4 - WI-1164
53	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
54	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Hic-5	LIM	16p11.2	SHGC-36123 - SHGC-5949
55	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q21.2-q21.3	D1S305-D1S506

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
56	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Polymeric immunoglobulin receptor	ig	1q32.2-q21.3	SHGC-11228; D1S456-D1S2891
57	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu H beta 58		11q23.2-q25	D11S1320 - D11S968
58	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus TIP49	AAA	3q21.3-q22.1	SHGC-31856
59	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus ABP-7		2q11.2	
60	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Aggrin	laminin_G; EGF		
61	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Triose-phosphate isomerase	TIM	12q24.33	D12S367; WI-5272
63	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus polymerase I-transcript release factor	PRO_RICH	17q11.2-q21.31	D17S800 - D17S791
64	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus AP19	Clat_adaptor_s	Xp22.33-p22.13	
65	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Ras inhibitor			
66	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
67	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe POP3	WD40_REGION	16p13.3	WI-7742
68	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	8p12	
69	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q23.32	Z38397
70	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
71	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF; PRO_RICH	17p13.2	SHGC-31356 - SHGC-31370
72	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9p24.1-p23	D9S178 - D9S286
73	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-31529
74	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		Xp13.1-p22.1	SHGC-34549; DXS983-DXS995
75	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16p12.3-q12.1	D16S401 - D16S411

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
76	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	KE04p	PRO_RICH	10q23.31-q24.1	SGC32598; D10S198-D10S192
77	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	TIGR-A002114; D5S396-D5S2119
78	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
79	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
80	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus cell surface antigen 114/A10		3q12.3-q22.3	WI-16550; D3S1267 - D3S1269
81	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus RNH-1/14-3-3	14-3-3	20q13.12-q13.2	sISG3015; D20S96 - D20S119
82	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q12	SHGC-5757; nib2203 - WI-7121
83	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q23.1-q24.23	WI-10125; D8S263-D8S284
84	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.12	SGC34869; D9S260 - D9S159
85	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hD54		20q13.33	SHGC-3176; SHGC-9476 - SHGC-9199
86	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		21q22.12-q22.13	TIGR-A008B34; D21S1254 - D21S1252
87	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe TPR	TPR_REGION; TPR_REPEAT		
88	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus seizure-related mRNA	PRO_RICH	15q22.2-q22.31	WI-5241; WI-7454
90	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor p57KIP2 Homolog			
91	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	sFRP-2	PRO_RICH; FZ_DOMAIN; NETRIN_CT	4q31.3	SHGC-1050; WI-15550 - D4S1046
92	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Lung Carbonyl Reductase	adh_short	17	D17S784, n.r. (117 cM)
93	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans MSR4 like protein	mito_carr	8p22-p12	sISG8989; D8S298 - D8S505
94	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
95	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Fork_head	3p14.1	D3S1566; CHLC.GATA52H09

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
96	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	C2	12q13.12-q13.13	WI-7760
98	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.2	SHGC-11228; SHGC-36215 - SHGC-12033
99	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	F1FO-type ATPase subunit d			
100	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
101	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SIK similar protein	NLS_BP	16q24.1-q24.2	CHLC.GATA71F09
102	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
103	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human DNA sequence from clone 506		22q13.1	SHGC-2785; IB342 - SHGC-37043
104	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MSJ-1	DnaJ	11q13.2-q13.4	AFMa190xd9
105	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PDZ	Xq12.2	CHLC.GGATA64D08; DXS983
106	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	UPF0034		
107	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Beta-galactosid alpha-2,6-sialyltransferase	Sialyltransf; PRO_RICH	3q26.33-3q28	D3S1602-D3S1580
109	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NHERF-2	PDZ	16q22.1-q23.1	SHGC-11460
110	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.31-p21.2	
111	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	high mobility group protein	HMG_box	Xq28	
112	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Multi PDZ domain protein	NLS_BP; PDZ	9p23-p21.3	SHGC-32204; WI-7091 - SHGC-3971
113	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	G-beta	11q12	
114	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP; PRO_RICH	?	SHGC-2325; SHGC-36512
115	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
116	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.2	AFM001ve9; AFM122xf4 - SHGC-2757
117	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.31-q22	SGC32559; D17S797- D17S788
118	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	3q13.33-q23	WI-9557; D3S1589 - D3S1292
119	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12-q13.1	D11S1357-D11S1765
120	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34-q35.1	EST00061; SHGC-11657 - UT5261
123	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219- D19S418
124	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11	
125	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq12.2	
126	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q11.21-q12	TIGR-A001Z33; D20S195- D20S107
127	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	CHLC.GATA71C09
128	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	LBP-1a	PRO_RICH;	3p22.3	GATA8A06
129	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.32-q22	SHGC-31935; NIB1385 - SHGC-30378
130	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
131	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13	SHGC-6203
132	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p13	AFM288vb5; D7S679 - D7S2561
133	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q24.2-q24.3	WI-7648; D14S946
134	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19p13.3	SHGC-1247
135	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p34.3	SHGC-6708; D1S432 - D1S2540
136	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	5q32-q33.1	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
137	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q21.11 =pct141	SHGC-53839/AFM172xf10
138	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
139	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3-q22.2	
140	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	GLOBIN	Xq22.3-q25	SHGC-32433
142	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.2-p12	sisG4857; D17S796 - D17S960
143	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16q12.2-q13	AFMa061yb5
144	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p24.1	AFM200ZC11; AFM207vo7 - SHGC-30375
145	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	PRO_RICH;	Xq25-q27.3	WI-6213; WI-5285
146	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	TFG		6p21.2	SHGC-31456; SHGC-10980 - SHGC-16715
147	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MLN50	LIM_DOMAIN_2; SH3	17q11.2	SHGC-36242; SHGC-3073 - AFMa302yb5
148	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HLA-F	MHC_I; PRO_RICH	6p21.31	SHGC-4087; SHGC-10115 - SHGC-17229
149	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein	G-alphaarf	12p12.3	SHGC-2112; D12S308 - D12S1832
151	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	AHNAK	PRO_RICH; RICIN_B_LLECTIN	11p11.2-q13.1	SHGC-15940; D11S1368 - SHGC-31731
153	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hPGI	LRR	Xq28	SHGC-35272
154	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Mac-2 binding protein	PRO_RICH	17	SHGC-11286; SHGC-33563 - AFM163yg1
155	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	BRG1		19p13.2-p13.3	SHGC-9937; D19S221 - D19S226
156	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD; PRO_RICH; rrm	20p13-p12.3	SHGC-56771; D20S816 - D20S779
157	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NC2 alpha subunit	HIST_TAF	11q13.1-q13.3	SHGC-1320; D11S951E - SHGC-10519

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
597	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 7			
598	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
599	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 28			
600	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 32			
601	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35			
602	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 44			
603	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			
604	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 57			
605	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 61			
606	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 63			
607	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 67			
608	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 69			
609	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 72			
610	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 82			
611	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 93			
612	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 94			
613	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 95			
614	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 108			
615	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 111			

Sequ nz ID No:	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
616	In Pankreasumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 113		
617	In Pankreasumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 130		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.	208
18		209
		210
		211
19		212
		213
		214
20		215
		216
		217
21		218
		219
		220
22		221
		222
		223
23		224
		225
		226
24		227
		228
		229
25		230
		231
		232
26		233
		234
		235
27		236
		237
		238
28		239
		240
		241
29		242
		243
		244
30		245
		246
		247
31		248
		249
		250
32		251
		252
		253
33		254
		255
		256
34		257
		258
		259

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
35	260
	261
	262
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
41	278
	279
	280
42	281
	282
	283
43	284
	285
	286
44	287
	288
	289
45	290
	291
	292
46	293
	294
	295
47	296
	297
	298
48	299
	300
	301
49	302
	303
	304
50	305
	306
	307
51	308
	309
	310

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
52	311 312 313 314
53	315 316 317
54	318 319 320
55	321 322 323
56	324 325 326 327
57	328 329
58	330 331 332
59	333 334
59	335
60	336 337 338
61	339 340 341
63	345 346 347
64	348 349 350
65	351 352 353
66	354 355 356
67	357 358 359
68	360 361 362
69	363 364 365

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
70	366
	367
	368
71	369
	370
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406
	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
90	426
	427
	428
	429
91	430
	431
	432
92	433
	434
	435
93	436
	437
	438
94	439
	440
	441
95	442
95	443
	444
96	445
	446
	447
98	451
	452
	453
	454
99	455
	456
	457
100	458
	459
	460
101	461
	462
	463
102	464
	465
	466
103	467
	468
	469
104	470
	471
	472

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
	500
114	501
	502
	503
115	504
	505
	506
116	507
	508
	509
117	510
	511
	512
118	513
	514
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
123	528
	529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
124	530
	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
	555
132	556
	557
	558
133	559
	560
	561
134	562
	563
	564
135	565
	566
	567
136	568
	569
	570
137	571
	572
	573
138	574
	575
	576
139	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
617	657
	658
	659

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

S quenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:****(i) ANMELDER:**

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe**(iii) Anzahl der Sequenzen: 633****(iv) COMPUTER READABLE FORM:**

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA**(iii) HYPOTHETISCH: NEIN****(iii) ANTI-SENSE: NEIN****(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
cttcatcgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctgggc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggctcccgg ctgactata ccctggggga 120
```

```

caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgcaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
cctagttcct ctggaacaaa gtccctgtgtt ggagcagtcg acgctgcage acaacaatca 360
5 aaccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcagcccag 420
tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
ctgtcccca gacctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgccctcat 540
gaccccgaa actccagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc agccaagac 600
ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcattc tggaagtctg tgctggcggg 660
10 gcccttgcc acacccctct gtgggggcca caggagacca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
gaagccagga cccaacttgg gccgcgcgtt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780
cactgacccc tcctcccggg gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
ggcctgggga catctggcat ggtcacccct gcacatgatc tgaggccagc tccccttccc 900
tgagctgct cctgcttctc cctcaaagtc tcctaccctt ctcttcctct ttaaagccct 960
15 ctcttcctcg ctttccttcc tacctagctc cttgttggtg agcttcttgt gccttaatcc1020
tgtgacccag ccccttacac cactttccac cttcctgtcc gaagtacacg gacactagct1080
gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatac tctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc1140
ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200
gg
1202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cctccatcag ctgcgcgcgc agcggtgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
actcagtctc cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaac cagtggagcg cactcgtaac 120
ctggatccca gaaggctcgc aaggcagtag cgtttcctca gcggcggaact gctgcagtaa 180
gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
ggatcccacc ccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50 ttcctgtacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtaccc actgtgtcta 360
tggttggaag gcatttgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
atgaaaattg tggctctact accactgttt ttgttggaag catttccgag aaagcttcag 480
acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttgagctgg aagagagtac 540
aagggtcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55 ccctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaattgg agagaaaaag ctactcgtaa 660
aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaaagaag aaagcttcta 720
atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaataactcca 840
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acattttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcatc 960
 actaaggagg atataaatgc tatagaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga 1020
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggt gatggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagttcctc tccaaattgc tttttgttca 240
 35 tggtcatttt tattatatta gaatagctac cctgtgacag tttttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acaccccagt ttttatatca gttctactgt ttgtttttctc agcaaacatt 360
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatacaa tttttgtttt acttccctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagacct tcatgtgtta caaaataagc ccacccttta 480
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaataca tttctttatt ggaccatcct 540
 40 gggcttcagt catgccttta ttttcttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgttttg aaactggaca tttggcactt tggctttcac 660
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 45 gtcaagtggg tctgcttggt ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccaccctaca agtactgaaa aggacagat 960
 gtactccaac acagttgctt taagtgaaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc 1020
 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggatatca gtgcttggacl 1080
 tccatgtgct gtttcccggg aggagaagca gcgtgtgcat ctgttgggaag aatgctggaal 1140
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc 1200
 ctttgctgca gatgagtac ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaa 1260
 taaatcagca gctgggtttt ccaactgaag caggaagtct gctattttatt agcactcttt 1320
 ggtggtatag ttacttttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga 1380
 aagcaccttt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaa 1440
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

25  cggctcgaga aaggacctct ccccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaacccag 60
    gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
    atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
    tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
    tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtacca ggttctcctt ccctgcccc 300
    agctcagagg atgatgtgtt catccccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
30  attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
    ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctcccca 480
    atttcaaagg tcagagtgc tttcaggggt gctcaggttg aaagtcaaga ggtcactata 540
    cacagcatag tgacaccaga gtttgtagat ctctcagtag ccaggacttt ttccactcag 600
    attgtgcggg aatcagagat cccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
35  ttattaaaag tgaaaatccc agagccccac acgcaggcta gagtgtacac acaatgact 720
    caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggtccca tacaagccac ccaggagta 780
    gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
    agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttcttgg ccaccagctt 900
    gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
40  caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagacaa accagaaagt1020
    aaaaaatctg gtctgtctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttcctc ttctgttgat1080
    gagacagggt ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccattca aacacagcct1140
    gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
    cccaaattag ggttctctc atctctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
45  gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
    ttctccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggctggac1380
    tccagagtga tggtagatc cgcggcaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
    aaagctgacg atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggtatgg1500
    ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaaa gtaaaggcta cacacacata1560
50  tggagcacc catcccacag cacattacat ccacctact tcacagaacg gagaacagag1620
    cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaac1680
    ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
    gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg ggaagtttg ttggtcttta ttagataaa1800
    ttccagagac ctgtccataa taccacagct aacatgactg tttctttgag gaaagggtaa1860
55  taatgtctgt ggtgtacaag tcgttttttg tataacttct ttctgtctgc tgcgtttcc1920
    cggcaaacat agttttccta ttccaggcag agtgcggtat attccaggaa aactgtttc1980
    ctactcactt agcttacttc tttgttgaa gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
    tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa gggatgatgg cagtggctgg cagctgggcc2100

```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
 agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtccacac tgtggccctt ggtccccta2220
 atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttcctt ggatgggcaa2280
 taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaagg g 2331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1925 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

aataaaaaaaaa attgtatttta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
 ttttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
 tgcacacagag acaactgaag atgaaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
 aaaaaaaaaa acaaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
 caacaagaac ctgctttaaa tttccatgcc aattttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
 ggtagtagggc tattgaaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagt 360
 tgtaactat acaaaaaaag aactgtaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
 tttcaatttt tttctttaaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480
 caagaaaaaa aaaactgcgc tagaaccaac ttattcatca tcacatctt cttcttcac 540
 ttcattctt tcatcttctt cctctctctc atcctcttca tcttctctc cttctctctc 600
 ttccttctt tcttcttctt tttcagcctt gacacactcc ttttttgctg catcaggctt 660
 tccttttagct cgatatgcag caatattcct ttcgtatttt tcttctact cgcagcctt 720
 ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtctctt 780
 gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggacctt gaacttctt 900
 tttgtctccc ctttgggagg gatatagggt ttcatttctc tttcataacg ggccttgtcc 960
 gcttttgcca tatcttcaa ttttcttctc tcttttagcag acatggtctt ccacctctt 1020
 gagcacttct tagaaaactc tgagaagttg actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc 1080
 tcctcccgac aagtttgac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctct cggcttctt 1140
 ggatctctt tgcccatgt tagttatttt tctaaaaaat aaataaata tttgatgtta 1200
 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaaagt 1260
 actggtttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg 1320
 agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaaacaa aacaaaacaa aaacagtcct 1380
 tcaggggcgt ctcaaaaagt ctagacacaa agatataccc atacagtatt ccctatctat 1440
 ccgcccaggt ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag 1500
 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaaagg tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt 1560
 gcactagata gggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttctaat tatgggacct 1620
 taaaaaaaaa aatcaccgtg caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt 1680

5 tgctccaaag agggagcagc agccagctcc ggtgctcgga acccggttgg gaggtgcggt1740
 gccaccgcga ggcagcctcg tttcctatcg gtttggccct gagatgtatt tctgttctga1800
 ctaaacacgt ccggtctgaa gtttctccga gtaaacaagg atgagggaca aaagccactc1860
 ctgctcgtgg ctcggtggcc cctcccccactcggggaag tatttttttgg agccgtcaaa1920
 gttgg 1925

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1368 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

30 gtcggggagc gcggggccgg ggcccagggg acccggggcc acggagagcg ggaagaggat 60
 ggattgcccg gccctcccc ccgcatggaa gaaggaggaa gtgatccgaa aatctgggct 120
 aagtgtctggc aagagcgatg tctactactt cagtccaagt ggtaagaagt tcagaagcaa 180
 gcctcagttg gcaaggtagc tgggaaatac tgttgatctc agcagttttg acttcagaac 240
 35 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300
 caatcaaaaat aagggtaaac cagacttgaa tacaacattg ccaattagac aaacagcatc 360
 aattttcaaa caaccggtaa ccaaagtcac aaatcatcct agtaataaag tgaaatcaga 420
 cccacaacga atgaatgaac agccacgtca gcttttctgg gagaagaggc tacaaggact 480
 tagtgcatca gatgtaacag aacaaattat aaaaaccatg gaactacca aaggctctca 540
 40 aggagttggg ccaggtagca atgatgagac ccttttatct gctgttgcca gtgctttgca 600
 cacaagctct gcgccaatca cagggcaagt ctccgctgct gtggaaaaga accctgctgt 660
 ttggcttaac acatctcaac ccctctgcaa agcttttatt gtcacagatg aagacatcag 720
 gaaacaggaa gagcgagtac agcaagtacg caagaaattg gaagaagcac tgatggcaga 780
 catcttgctg cgagctgctg atacagaaga gatggatatt gaaatggaca gtggagatga 840
 45 agcctaagaa tatgatcagg taactttcga ccgactttcc ccaagagaaa attcctagaa 900
 attgaacaaa aatgtttcca ctggcttttg cctgtaagaa aaaaaatgta cccgagcaca 960
 tagagctttt taatagcact aaccaatgcc tttttagatg tatttttgat gtatatatct1020
 attattcaaa aaatcatgtt tatttttagt cctaggactt aaaattagtc ttttgtaata1080
 tcaagcagga ccctaagatg aagctgagct tttgatgcca ggtgcaatct actggaaatg1140
 50 tagcatttac gtaaaacatt tgtttccccc acagttttta taagaacaga tcaggaattc1200
 taaataaatt tcccagttaa agattattgt gacttcactg tatataaaca tattttttata1260
 ctttattgaa aggggacacc tgtacattct tccatcatca ctgtaaagac aaataaatga1320
 ttatattcac aaaaaaaaaa aaaacaccgg gggggggccc gggcccca 1368

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 424 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

gaatgccctt tggggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
ggtgcccgca gccgccaccc ctgcaogcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
cacagccagc agcctttcca cagtcaactgc ctttcccgca gtcccagcc ttccctacgg180
cctcaccgcg accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cacgcacaga240
tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300
acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgctg accagctggg gaacaaccct360
ggaccgaggc atcgccagag acccatagag cacccggttt ttccctgtgc ctttttgaa420
attg                                     424

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5  caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
   tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctcacacaag 120
   gcagggtggg gaggaatcc agagttgcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
   tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
   aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
   aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
10 ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
   ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
   atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtcccagg attatgtttg 540
   ttgacccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
   cttacgaacc tgcagatata gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
   tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15 cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
   ttaggttatg gttaaagtgt acaacaacta tttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
   ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
   ctaaaaaaaaa aaataaatgt ttggggggtg ttctgttttc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc cccaagggga cggtttacaa ttggggggcg1020
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

25  (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

30  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellte partielle cDNA

```

```

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

```

35  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH
     (C) ORGAN:

```

```

40  (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
     (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45  tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
   caggaagagg agctggtgag aagacagcga aatgggcgct ccggcccccg gcccggcctc120
   cggcggctcc ggggaggtag acgagctgtt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag180
   ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
   gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgacga ggaagttcgg tgtggtcctg300
50 gatgagatca agccctcctc ggcccctgag ctccaggccg tgcgcatgtt tgctgactac360
   ctgcccacg agagtcggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
   agcgtggacg tgaccaacac caccttcctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
   cagaacccgg atgccgccct gcgtgcgctg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
   atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgcctggacc tcgcccggaa ggagctgaag600
55 agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctcaaccagc tcaaggtctt ggtaagcttg660
   caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

25  gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgctgcggct gctgcgcacg ggtgccccag 60
    ccgctgcgtg cctgcgggttg gggaccagtg cagggaccgg gtcgcgccgt gctatggccc 120
    tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctcgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
    atgtaactgg tcactacatt tccccctttc atgatatcc tctgaagggtg aactctaaaag 240
    aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
30  tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
    tgaatcccat taaacaatat gttaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
    cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatcccatg 480
    aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
    gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcatgtgaa gatccttgga attttggctc 600
35  ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
    cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgtta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
    ctcttaattg gtttagatta tataaggtac cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
    ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctctgaagt tattaatcc actcatcaat 840
    gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaactgac 900
40  agatatctga tagcccttc cgttgcactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
    tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccttggca 1020
    agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc 1080
    tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa 1140
    ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa 1200
45  aa 1202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

```

ggagccggga ctcgcgggcg gcgggcgggg gcgtcgctgc gcggctggcc ggtgaggccg 60
cggcattggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cagggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttccg 180
agccatccgg gtgacctgca taggttcctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgcctga gagcacagct tcccctcca ccaggtgagg gccgccatcc acaccgacgc 360
ctttgagggt ctttcggga agatcggtgca ccaggtgagg gccgccatcc acaccgacgc 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccctt tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggcctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtggtggcc agtctgctgc agaaagtgtc ctataaggcc aagcgctgga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggaggtgg aggggtgcggg cgtcaaggcc tggcgggcgg cgcagtgcca 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtcggccctg ccgggctgca gcctcatcca 840
catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggcgcgggaa gctactgtga ccctcccggg 900
cttcattggc aatattgctg tgaaccatgc cccagtgagc ccccgccag gcctggggct 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca cccaggagg aggctgaggc1020
tgaggctgcg gctggcggcc cccacttctt ggaccccgtc ttctcttcca ccaagagcca1080
ttcgagcgcg cagcccctgc tggccacctt gagttctgtg cctggtgcgc cggagccctg1140
ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcaccct cccttggtgca tttcaacagg1200
tgccactgtc ccctactttg cagagggtgc cggggggcca gtgcccacta ccagcacctt1260
gattcttctc ccagagtaca gttcttgggg ctacccttat gaggcccccac cgtcttatga1320
gcagagctgc ggcggcggtg aaccagcct gaccctgag agctgacccc gtgctgcctt1380
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgcccttctct1440
cttggcctag cctggccccc tcaggacctg cccagcctct gccagtcct ctgcatccgc1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcagggagct gggacctgga gagacaactc1560
ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cacgcaagga  tgaggcgggg  tttcgccgtg  ggcgcgatgc  gtgcagcaaa  gaatggagga  60
gtcggaaaccc  gaacggaagc  gggctcgcac  cgacgaggtg  cctgccggag  gaagccgctc  120
cgaggcggaa  gatgaggacg  acgaggacta  cgtgccctat  gtgccgttac  ggcagcgccg  180
gcagctactg  ctccagaagc  tgctgcagcg  aagacgcaag  ggagctgcgg  aggaagagca  240
gcaggacagc  ggtagtgaac  cccggggaga  tgaggacgac  atcccgtag  gccctcagtc  300
caacgtcagc  ctccctggatc  agcaccagca  ccttaaagag  aaggctgaag  cgcgcaaa  360
gtctgccaa  gagaagcagc  tgaaggaaga  agagaagatc  ctggagagt  ttgccgaggg  420
ccgagcattg  atgtcagtga  aggagatggc  taagggcatt  acgtatgatg  accccatcaa  480
aaccagctgg  actccacccc  gttatgttct  gagcatgtct  gaagagcgac  atgagcgcg  540
gcggaagaaa  taccacatcc  tgggtggagg  agacggtatc  ccaccacca  tcaagagctt  600
caaggaaatg  aagtttcctg  cagccatcct  gagaggcctg  aagaagaaag  gcattcacca  660
cccaacaccc  attcagatcc  agggcatccc  caccattcta  tctggccgtg  acatgatagg  720
catcgctttc  acgggttcag  gcaagacact  ggtgttcacg  ttgcccgta  tcatgttctg  780
cctggaacaa  gagaagaggt  tacccttctc  aaagcgag  gggccctatg  gactcatcat  840
ctgcccctcg  cgggagctgg  cccggcagac  ccatggcatc  ctggagtact  actgccgcct  900
gctgcaggag  gacagctcac  cactcctgcg  ctgcgccctc  tgcattgggg  gcatgtccgt  960
gaaagagcag  atggagacca  tccgacacgg  tgtacacatg  atgggtggcca  ccccgggg  1020
cctcatggat  ttgctgcaga  agaagatgg  cagcctagac  atctgtcgct  acctggccct  1080
ggacgaggct  gaccgcatga  tgcacatgg  ctgcagggt  gacatccgta  ccattctctc  1140
ctacttcaag  ggccagcgac  agaccctgct  cttcagtgcc  accatgccga  agaagattca  1200
gaactttgct  aagagtggcc  ttgtaaagcc  tgtgaccatc  aatgtggggc  gcgctggggc  1260
tgccagcctg  gatgtcatcc  aggaggtaga  atatgtgaag  gaggagggcca  agatgggtga  1320
cctgctcgag  tgcctgcaga  agacacccc  gcctgtactc  atctttgcag  agaagaaggc  1380
agacgtggac  gccatccacg  agtacctgct  gctcaagggg  gttgaggccg  tagccatcca  1440
tgggggcaaa  gaccaggagg  aacggactaa  ggccatcgag  gcattccggg  agggcaagaa  1500
ggatgtccta  gtagccacag  acgttgctc  caagggcctg  gacttccctg  ccatccagca  1560
cgtcatcaat  tatgacatgc  cagaggagat  tgagaactat  gtacaccgga  ttggccgcac  1620
cgggcgctcg  ggaacacag  gcatcgccac  taccttcatc  aacaaagcgt  gtgatgagtc  1680
agtgtgatg  gacctcaaag  cgctgtgtgt  agaagccaag  cagaaggtgc  cgcccgtgct  1740
gcagggtgctg  cattgcgggg  atgagtccat  gctggacatt  ggaggagagc  gcggctgtgc  1800
cttctgcggg  ggccctgggtc  atcggaatc  tgactgcccc  aaactcgagg  ctatgcagac  1860
caagcaggtc  agcaacatcg  gtcgcaagga  ctacctggcc  cacagctcca  tggacttctg  1920
agccgacagt  cttcccttct  ctccaagagg  cctcagtccc  caagactgcc  accagtctac  1980
acatacagca  gccccctgga  cagaatcagc  atttcagctc  agctggcctg  gaatgggcca  2040
ggctggctct  ggctgcctgt  tccctgtgct  cttcagaatt  actgtttttg  tttcctttta  2100
ccccagctgc  cattaaagcc  caaacctcta  gcccaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaa  2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

15 cctgggcggg ccctgcgtca ggttgagtt tcacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtgggttag aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgcc a tggtgggca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggcgcc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcggcagcca gaacacaaa g tccctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660
   caagcgggag ggctcggggc ggttttccct gcccgagacc acgtgcttgc agggtagagg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggc caccatcccc tcaggcagca ccctcgcatt 780
   ccgggtggcc cagctgggta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac1020
   catctccaag gaactggagc ttttgagac agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct1080
   ggaggggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagccttg gaggagggcg tggagcaggg1140
   ccagagcctt gggccgggtg agcccttgga cggctccagca ggtgctgtcc tggagtgcct1200
35 ggtgtgtgcc tccggaatgc tgggtgccga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg1260
   ggcactgacc atgctgagtg aaacgcagca caagctgctg gcggagggcg tggagtgcga1320
   gaccctgttg gggccgctcg agctggtggc cagcctcttg gagcagagtg ccccgtagga1380
   ggagcgcaga ccatgtccct gccccccggg ctccctggga acagctgggg cgaaggagca1440
   ccggcctggg tcttgctgga cgagtgtggc ctagagctgg gggaggacac tccccagtg1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcactct acgcctccct ggcaactgcta1560
   tcaggactga gccaggagcc ccactagcct gtgcccgggc atggcctggc agctctccag1620
   cagggcagag tgtttgcccc ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca1680
   tgtggccagt ctaccatggg gccccaggagt tggggaaaca caataaaggg ggcatacgaal740
   gga
   1743

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

```

cggctcgagt gggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcaaaaacc240
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagaggtggg gtctcttcac cttccctgaa360
ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgccaggc aattccccag gccctcattg420
ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagcccc540
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtgc tgcggcctgg600
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggggtt tgggaatcag tcttcacaga660
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcagggtg720
cgggggtggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
ggggagcatc ttcccgctcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840
ccccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tcctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgccct 120
gtgcagctgc ctggcagtggt ctgggacaag gatcttgtag ccagcacaga ggcctcttca 180
aaggcctctc cctcttgga ctcaggcaa ggcaggtgcc cgcttcccc aacacctcag 240
gcagtgaccc tagggcatgc ccagcaggt ctccgagcag ccaactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatcct gagaggagg caggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccattggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtgcggcc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggctctggc tgggcccggg ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcattgtgg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgcccatcc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtggggc tcgggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgcaggc 780
tctaattgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaactctg 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggcatac cactgccttc tctgggcttc agtgtccttt 900
15 tcatacctag aagtctgagg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc 1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccaccca ggtgccattt ccagctctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagacccatt ggctggagcc tcctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc 1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccg ggtgggatgg 1260
gtgggtttct ctccaattca gacccaagag gtgaccccc agggcatgta cctggtggga 1320
agcagctcag gtacccttg ggtgtgcag gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggg cgtgtgtgtg gtgcgctat gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat 1440
caggatgccc ctgcgagagc atgtgcacgt gtccccacct gagegagcgt gtgtgtgtgc 1500
25 tcctctgctg cccaggtttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agcccacagg gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
gcccccggtt ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctgggtc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg 1740
gggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcagggg gctcttggtg gggcaaaggg 1800
30 ctggaccctt gccaggtctg tggacatggt tatatgccc ggagaggggg gtgcagggcc 1860
ccagggatgg ccccaatcc cactctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
tttagcatc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

5 gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60
 ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct ggggtctcacc 120
 cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
 caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggtgat 300
 gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
 caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaatctg 420
 ctgggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
 10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
 attacttttag atttgtttta ttttcctctc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600
 gacactgata gattgatatt tctgatcggt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
 ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttta agcaaaaaga 720
 aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780
 15 tcaagcatgc aaacacagtt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840
 acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
 attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
 ctatcaaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020
 tgaacggtt ccatgttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttcta aagaagcatg 1080
 20 ctccattgac tgccatctct agtcttgagc tgggtggtat taaccatag aaagcaagca 1140
 gttgtgtatc acatagacaa tgggtatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgttcatt 1200
 tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260
 aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320
 agttcttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380
 25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggtt taaaatatat ttatttgcca ttaagtata 1440
 aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500
 aaggtcactt ttaaaataacc aaatttgatt tatggttttt aacaaaggac taaagagctg 1560
 aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620
 actacaaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680
 30 atctgagacc ctcagaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740
 tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaatgta 1800
 gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaataa tctggactga gttttgccaa 1860
 atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920
 tcattagtgc ctcatgactg tgtttgatgt cctttattga tacaagtga gcctgtgcct 1980
 35 tcattatctt gcccatttta atacaaatgg aaacctggtg tttgaaaatc tctgaactgt 2040
 gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100
 aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt 2160
 tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccatttctt 2220
 cactaaggag aaaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279
 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

```

aaatcttagg gtaagccagc tgccttggaa gcccaccagg gctccagact gcaggggaaga 60
agccggggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120
ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagatt ggagggtcct180
10 atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240
cccttgccagg cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300
tttgggtgcc aacgggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360
ctgggttggc acagggggcg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420
tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggcacatccc ccattgttaga gtccacatca480
15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540
tagctgcaac cctgggacgc atgggagggg aggggtgtga cctcaggaa cagtgtggtc600
cttgagggtg ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660
caccatcag cctcctgggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720
atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcatgcctg g 761
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

```

45 ggtggcctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60
cttgggtggct ttggcttctg cactccttgg tcgtcaccgc tcaggctcct cattcacacg 120
aggctcctct cgctctggcc gctcttgcct ctctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180
tcttaagact cctagggatg tggatgaagag ctgggactca agtgagctc acgggtgtgaa 240
acatgagggg ggtgaggtgt ccgtccactt cccccataaa ggtgtgcatt tcagttaggc 300
50 tgccccgcca cagagcaggc ttcattctgt ctgccatcca gcccattctg gatgtgaggt 360
gggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcggcccac gcagcttctg 420
ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg ttctgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480
ttgtgaccgt gcggctccac ctcttccagc tctgtctaca gctgaggcct ggatccccgc 540
cttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600
55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660
tgtggacttc ctctacttct ccttgctgga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```



```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctcacatgc 780
agctgatgcc aaagtgtgtg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcct 900
ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
5 gaaatagggt ggagagcggg aagggtcttg ctcttaagtg ttgctgctgt ggcttttttg1020
ccttctccaa agacgcactg ccagggtcca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag1080
tgagaagcct ggggttttga gcccacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtctaat1200
attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg1260
10 gtcccattgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcaactggtt atgaagctcg1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat1380
ataatagcct ggggtggctta aac 1403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggccgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60
gtacctgact gacactctgc actcgtcat ctccgagctg agcccgcagg agaaggagga 120
40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
gaacatcaag gccttgttcc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctaccctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300
gagagtcagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttctctcatga tgtacgcgca 360
gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatgtt caagtcgctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccc agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
cggatccgct tcaaaccgct cctcttccag cacgtgggca ctactcctc gctggctggc 720
50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aaccgcgcag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgaggactt cttctggggc ttcacccctg ccgcggggga cttcatccgc 900
ttccgcttct tccaacctct aagactggag cggttcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
caccgcggagg acaagctctt caacacgtct gtggaggtgc tgcccttcga caaccctcag1020
55 tcagacaagg aggcctgca ggagggccgc accgccaccc tccggtaccc tcggagcccc1080
gacggctacc tccagatcgg ctcttcttac aaggagtgag cagagggaga ggtggaccca1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg1200

```

```

attctgagcg agatcttcct gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg aggggtaccct1260
gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggcca1320
gatacggccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tggggtcgc1380
cgctggcccc gaggccctag gagctggtgc tgcccccgcc cgccggggcg cggaggaggc1440
5 aggcggcccc cacactgtgc ctgaggcccg gaaccgttcg caccocgcct gccccagtc1500
ggcgttttta gaagagcttt tacttgggcg cccgcgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560
catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaa1620
gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggttaatgaa gaaaaaaaaa1680
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

tttttttttt tttttttttca ttttcaaaag ggctttttatt aaattctccc cacacgatgg 60
ctcctgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtcctgtagg gaaaggccct gttttccctg120
aggcggggct gggcttgtcc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180
gtctagctgc ttcttgccgg gcacagagct gcgggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240
caggctctgg tgcaggggtg gaggcctgtc tottaaccga caccctgagg tgctcctgag300
40 atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360
agtccctggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420
ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggct480
gcagcggcct ggagcgccct tctcctgagc ctccagtttcc ctttccgtct aatgaagaac540
atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600
45 cgtcatgtta ttttcacaac tgcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660
atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720
gtgcgcctgg gggtgagggg aggcgccccg ggagggccct acaggaagtt gggctcccgc780
accaccaggc agggcggggt cc
802

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

20 accccttctc ttttcttttc cctttttctt tttctttttt gggttaagggt gacaccccat 60
   ttattggaga agaccccagc acccgccccc tgaggtctta agggcttttg tgtatccttg 120
   gtcacgagcg ctggggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
   gaccctggct gggcctgggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
   ccctggtgca gccccggcca tgtgtccagc gccccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
   ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
   ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gacccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gtttgggtgca tgggggcccac agcgggtgca gtacacgat cccagtgcaa gcaggaccac 480
   caaaaagaca cacgttggca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat ccctctggct 540
   gtgctcgcca agaccagcct cccccagggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgaggg 600
   cagccacagg gccaaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
   atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctgggttagt gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct ggggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
   aggggacctg gaggtggtgg tcagagaggg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
   ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgtgagg caccgagggt 900
   ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtggagg tctgggtgcc 960
   agcgacccgg gtgtctggaa acatggggga ctggtgggca gggaagagct ccggatattt1020
35 gggtgagatc atagggggct ggtgggcagg aggcgtgtgt gaatgagaga cagagagaat1080
   accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagttggct gcgatcacgg ggatctggtg1140
   gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag1200
   tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta1260
   ggggacctg ggggcactga gcgggggtgg ccaggtgggc tccgggtagg gtatctgtgg1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg1380
   ctccatccac aggatcccag gcattctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg1440
   tcttcatctt cctcactctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaacct1500
   tgggcaccca tggccctgct agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc1560
   tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15  cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccacac gagtgggacc caaggggcta 60
    attggaggca cgagggggacc cctccccagg gccttttccct cctctgcgtc ttccatctac 120
    tgaaatggga gaggggggtgg ggagcttctg ttctggtgaa gggaccggg caggccccca 180
    gcaccccatg ctgacttga gaacccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtggg 240
    ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgccg tgggatcatg 300
20  ggcaggggaag gctctggggg tcggagacac cgctgcttag caccaccagc cagaacaccc 360
    tgagggtctc ggggctctgg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac cttcctaggg 420
    aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc tttaagtgtg 480
    tttgcatgcg ccaggcgggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccctccttcc 540
    ccaagtgaag tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac ccctgagga 600
25  agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc agggccaggc 660
    caccggccgg gttctgccac agcttccacc gtgcttgcgt acatgcgtgt gcctgtgtgt 720
    ggtgtctggt gctgtgtcgt gaaactgtga ccactactca gtccaaacaa gtgagtggcc 780
    ctcgaggcca cagttatgca actttcagt tgtgtcataa cgacgtcact gctttttaaa 840
    ctcgataact ctttatttta gtaaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900
30  gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag ccagcgcag 960
    cagcctcgga ccgggattgc gtttgcccta gcggatatgt ttatacagat gaatataaaa1020
    tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttccccccc ttctcacctt cccttctccc1080
    cgacccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt tttttaact1140
    aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg ggggctgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctcc aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gcccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgaggggagcc actctaagag ttctatatata ccctggccac 480
   actgatgatc acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtattttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctcttgagaa tttacatgaa atggctaaac ataatctctt acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat ttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actatagggt attttataga gaatataaaa gtataaaaaca ttaaaaataa1020
   ccctagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttattt ctctaacctt gtcttctaac gttttacca aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50 gcgttctctc tccggccctc ggtaaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct ccccaggccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
   agcagcgcga gggcaccatc caggtgcagg gccaggccct ctcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gagggtcgc ttctctgtac tgctgtgca tggattcgc ttctcctccg 240
55 agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcaactca aggaagcagc agccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggctg tgggtggatgc cttggagctg ggcccccccg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc cttcctcag gcccctggct 480
cccagctccc gggttttggg ccagtggccc ccattctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgac atgaagggg 660
5 cggggcaccc ctgttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtctg ctggacttcc 720
tgcaggggct ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacagg 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttgtct tttgtggtct gtttgtcttt tctacctct 900
tctcttgtag tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaaggtt gccggagacc aagatcggaa gcgtgaaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggtctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttgga ggtctggaca 180
40 gggagcccag tcccgggccc catagtgggtg cgggcaactgg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcggtctg aactgcttcc catgctgcca tctgggtgggt atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatgtt cttttgttca gtgaatatcc ctagagctcc taccatatgt caggccctat 420
gacctaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccaggtca 480
45 ccccttttcc ttcctactct gtgcctggag catcatgtcc acccctgcag atccttggaa 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggatttgca tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttggtt ctgaggcctc 660
agataaaacc atctccgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc tttaattaaa gcagtttctt 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtccgtg agttaccag 840
cccgtccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtgg ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgggca atggatacaa agataaagaa aatgttgctt ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgcttagggg ctgtgaacga ggctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctcctctt ccagtgggag ttttgaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctggcctcgg gcttcgctgg agtgtactcc aggggtgaagg cagagtggga tttgagaccc 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagt cccctccccac 1260

```

```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc accccgcgat cgtcaggggt1320
gccacgggtg gccggagggt gcccgcgcg ggcttggtcc tggtgcgggt ccctgaaaaa1380
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac                                     1407

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

30 ctctcggctc cgccctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60
 tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120
 ctcgccgcgg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccagggtc180
 tgatgcgggg tgtggtgagt gccgccggga cccagggtgc cgccctcgat gaggtcccgg240
 cgctcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

5      cgccctcgttt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60
      cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctcccac aaacacgaga agttccagca120
      agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gagtggagca tccccggaag180
      tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240
10     tgaaactgct taccacaat ctgctgagct cgcagtgtcg gggggtgggg tcccgtggct300
      tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aaccccaact360
      tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420
      tgcgtctgat ccagggtgccg aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480
      tgaggaccat gcaccacctg ctgctggagg tggaaagtat agagggcacc ctgcagtgcc540
15     cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600
      aggaaactga gagttgattg tgccaggcgc cagtttttct tgttatgact gtgtattttt660
      gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaaatga720
      caccaaacac agtgtttttg agctcggtat tatatatatt tttctcatta aaggtttaaa780
      accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg                               815

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

45     tttctcgaac cttctctttt ctttcttttt tgcaactgtgc aaatatattg actttatttg 60
      tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120
      agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180
      ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcgtg240
      agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300
50     accatcggac aagggcattg agtggctacc cgccgccgac tcagcgcggg cgcgcctccc360
      cgcacacact cacagcagag ttgcgactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420
      cgaggaaaag ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gaggggcgca480
      ccgaccgggt cgcagcgggg cgggagtcgg aagcgcgccg ggagcgggcg gtcccgggtc540
      cttgcggg

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgccctgaca gcggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggctt120
gaaaaaactc ttggatgtta catgttcacg cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180
actgctccag gctctgcacc gcctcactag gctgggtggca ttccgtgacc tgtcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gccacaggaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggtcgacg tggactggag agtggatata aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct ggttcagat ggaagggtcc aaggagggttc480
ccaggctatg ggg                                     493
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  cgctccccc tccaactctc aaccacttcc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
   cgctcgcagg tcccaggagg cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
   tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
   tgccctggcc aagctcctgc tcacctgctg ctctgcgctg cggccccggg ccacccaggc 240
   caggggcagc agccggctgc tgggtggcctc gtgggtgatg cagatcgtgc tggggatctt 300
10  gagtgcagtc ctaggaggat tttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360
   agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgctt tcatttacga 420
   gaaacggggt ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctagcgtggg cagctttctc 480
   cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatgggt actcttatta 540
   caacagtgcc tgccgcatct ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600
15  tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
   gtccagaacc cttcaggcca tgcctctggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
   ggccccctctg tggctgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaaaa gagaccagaa 780
   ggaaatgttg gaagtgagtg gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcctgggtc 840
   ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900
20  gctcttcaac agccccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgctccagca 960
   gcaattgccc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc cctcctgag 1020
   tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

50

55

```

cggtcgcagg cggcgcgatg ggcgcggggc tggcgcggct cctgttgctc ctccgggctct 60
cggcggggcg gcccgcgcgc gcaggtgcag cgaagatgaa ggtgggtggg gagcccaacg 120
cgtttggggg gaacaaccgc ttcttgccctc aggcagtcgc cctccaggcc aagagggatc 180
cttcaccctg gtctggaccc gtgcattctc tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
tggagtccac gtacaagtat gagtctgcgc cgttccacaa cgtgaccagc cagagcaga 300
ccttcgcgtg gaacgcctac agtgggatcc tcggcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360
acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acgggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
agagcaagggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaagggt gt 472

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

25 catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgcg acccacagge tcacccctcc 60
   tgccgggctgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttaactctc 120
   tccctcagca catgccttgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
   agcccgggcc gctcaccgcg gaccagtgcc tggccgcctt cttggtgcca aaccccttc 240
   cccacccag agactgggca gctgtgtctg gttcgttctt tgcactaacc acatttgta 300
   tctctagggc aggtggggc tgcgggctga gggggaccgc tggcaccccc cttccctccc 360
   ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccg cctgaggggc 420
   tggacccgag ccggctgtga acatccctca gccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
   ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
   ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtctgg gactcaaggc tgcagtagcg 600
   tttcttcatg ggggtgtcca ggggggtgcca cagaccgaca ggccagccaa gggcctggac 660
   acccctcccc aggcaggtgc tgccccagga ggactgtcct cggaatgaa cctcccgcg 720
   gctttggact gaggtccctg tggcctcggc ctccctccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
   ccaatggtgc ttttggtttt agtgtacgat gtttgtgtg cttcccgccg tggagggcag 840
   agccacccca catcaggatc ggaagtgtca cccctcccg tcccggccct ggcccagcca 900
   gcccagccct cgaggctcga tgctgtgcc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
   tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgcagtgggg cgggcccgca gcccagcag 1020
   tttacagacg catggtctt cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
   ctcatccctt cctggggcc aggtctctgc ctggccttcc tctgtgaacc cctccttct 1140
   ttgtgctggt gtctgggacc aaaaaggggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt 1200
   ccatgggcct ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
   tggagggggc tctgcttcag gcccgcctg gctgacattc tgagccccc tggaggccc 1320
   cgccacagcc aacctgccc gtctttcttc tgggcttgac ccgcccagga gttctcagg 1380
   cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgccaaa cgccctgcga 1440
   ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccaggt gaatggacat 1500
   agcgtgagag gcgggtgagg cagggtctcc agcctcgtgc tgtctcggga ctctgaccg 1560
   tgggtgtgcgt gtgtgcccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
   ggaaaatcaa aaggggttca aacccacct cagtaggtgg aggggagcgc ctgccattgg 1680
   ttgtattttt gttctgagtt ttcggtgccg tgttcctaac tactccatcc catgacctcg 1740
   ccacacctac tggggcatct ggctgggtgcc tgctgccatg gccagcccc actctcacc 1800
   tgcacagggg gtcttgagc cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct 1860
   ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctactgag agtgctcccc agcaggcatc 1920
   cactacccca gggccccca catgtcatgg caaggttggg agtgaatggg cctggtggg 1980
   agcagccctt ggccattgc ccaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040

```

catttgctcc tgccttgggg ccagctctgc cccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100
 cccctggacc cagaacccca gacaaggggg caggcggggg accagggcct ctccctgtggg2160
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata tttgttatat2220
 ataatatata tatatataat ctcccttaaga ctccagcctcc tggttttacc ccccgccctg2280
 5 ggcattctgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340
 tttgcatttc cccctcctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgctgtgt2400
 ttttttgttt ttttagaact gggtttgggg gctgattttt atttctttgg gggctttttt2460
 tcttggcaaa tactaaaaat ctcgctcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520
 10 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2568

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 239 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

cgcgatggcg gcggggctgg cgcggtcctt gttgctcttc gggtctctcg ccggcgggcc 60
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120
 agcctcgagg gctggcggtt cgagcggggg acggcccggg cccgttcccc gctgaccttg180
 ccgcttcccc taggtggaac aaccggttct tgcctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 482 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

10 ctccaagctt ggccctggcca acactcggta ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
   actctgtgtt tatTTatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
   gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
   gtctgaaact ttatttTgtg tatttcttTgt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
   aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
   attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
   gctccctagc cacttctgga tcactgctca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480
   aa
                                     482

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 641 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

45 gagagcagta ggtgttagca gcttggtcgc gacaggggCG ctaggtagag cgccgggacc 60
   tgtgacaggg ctggttagcag cgcagaggaa aggcggcttt tagccaggta tttcagtgtc120
   tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
   ggtaacagcc aaagaacttt ctcttTgtcaa caagaacaag tcatcggcta ttgtggaaat240
   attctccaag taccagaaag cagctgaaga aacaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
   cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaggg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
50 gaaccagggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcaactgagat420
   taggcacaga gcagaccatc ctcttTgtga agtgacaagc cacgtgtgtt ctggagccaa480
   agctgaccaa gaagaacaaa tccaccccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
   cgttcagggg cgatatcccc acatcaagga cggtgaggat cttaaagacc actcaacaga600
   aagtaaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g
                                     641

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 381 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
aagttgatga cctacgctct tacttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgateccag cagacaaggc ggctcgagcc180
gattcggctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
tcagctttga tggaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
30 ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360
gctaagggtt agtggtcctc t                                     381
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1539 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5  ctggggacag gaagcccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgt gacaaaccag 60
   cctgggcccg agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
   ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
   ccccaggcct cccctgggcc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
   ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggtctca 300
   aggtcatcta tggtccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg ggaacagct 360
10  atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gcccctatgcc atcatcttcc 420
   tccccaacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgctacga ggacgagggg gtctacgtca 480
   acacgtacgg gcgcatcatt aaggatgtgg tgctgcagtg gggggagatg cctacttctg 540
   tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtga gaaagccatt gagatccgct 600
   ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggtcaagt 660
15  tcctgtgtga gcggaatgac aagggtgttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
   aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcacatgaa ctggtgacgg ggcctgggc 780
   tggggctgtc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
   tctttcccct ccctgggctt ttgcttttac tggtttgatt tcaactggagc ctgctgggaa 900
   cgtgacctct gaccctgat gctttcgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20  ctcttcccaa aactgtgcct gtccccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca 1020
   ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg 1080
   cttgaacccc ttacccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac 1140
   gtcaggggag ccggtcccc ccttgaatgt accagaccct ggggggggtc actgggccct 1200
   agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca tttctgaaa 1260
25  gcactttaat gattccccctg cccccaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc 1320
   aaaacatgcc ccccattecg gaacccccctc tcctcttcta gcccatgccc ttccccgggt 1380
   gagggagggg gcaggagacc ctactctcc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt 1440
   gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg 1500
   aattgtcttt attaacaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2195 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55  gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggg gctgggtgca 60
   cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgaggtg cctccccacg taccctcgc 120
   gggcccagcc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcgttgg 180

```

```

cggccggagt cccagccatg gcggagtctg tggagcgcct gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcagggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcggccgggt ccgcatcgag aagatgagct cagagggtggt ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaagggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagtaaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctgggggtcag tgaaaatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgctcca ccacttgtag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcttc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggattc tagtacaaaa cgtgttaaag tttctgttaa1020
15 attttggtag tgttagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt tttctacta1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagagggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatcttga ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaaat tacagtggca tacacaattc1320
20 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttccct tgaaattnaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc cccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttggcct tttggagtgg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acaggagaaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatta1860
tgtttggaaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
30 ttcaaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaatg tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatattca aagtgagaca2040
aaggcaataa aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aattatatto tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1409 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

gtttgctgtc cttttttaaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
5 cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtgggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
ttttgaccaa aaaaataata ataagttagc tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa ccctcctgtt gtttggcctt agcccagagg 360
gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg caggggtgga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gagttgagac tttgggtctt cttagtttgg 480
aggtgttgag tgcatttgtg cccctgctg gttgagagct tcttgggtacc tcttgccacc 540
ccttctcact gccctgacct aacccactg gaccttgatg ctgcgaggag tgggtgtcctg 600
acggactcag cactcccggc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
ctgccaggag agggcttgtt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aaggaggcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccaccca ctccatccta cccagggacc 840
ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
ccctgcagta ggcaccagct ctacctccc cggcaggcaa tgtcctggct tctcagccca 960
gcaccatctg ttcccctaga cttctcaggg gccagcccag tctgggccac cttttgtttc1020
20 cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg1080
ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctctcccat ccacacacac aggcaccac1140
ccacaccagg tcggcttgtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
tcttttgaaa tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgctcttg1260
ggcctagttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttgggtgt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
gtaagggggt taaaatataa ggtaatttt 1409

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ctttcaaagg agccacaatt 60
agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggatatct tcttcaaagc 120
cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tggttgttta aatataaatc tgatcacccc 180
55 cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattta aaatgtaaac tcttcacctt 240
ggtttatgag aactggttct tgccttcccc ttgaacctca ttaaagtgtg atttcttgc 300
aagctccagc ccgagtggct tcctctcagc ttctaatttt gtgctctttc ctgccctttt 360

```

```

cctgggcctt ctcagctctc cacccccacc actcttgact caggtggtgt ccttcttctt 420
caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccttgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
cacatcttgt cttttcccct cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
tgttcatttc tgtctcccct accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
aaagagggaa gaaggcaagc caacccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttctt 720
tttgacaata tacacggatt attattttgta ctttgttttt ccatgtgttt tgcttttata 780
cactggcatt ttttagctct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
ccatgggtccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatattttgtt 900
10 tgggtggttt gtgagccttg ctgccaagtc ctgccttttg gtgcacatag tatggaagta 960
tttgagagag agaacccttc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal1020
aataaatgct catattttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aaaa
1084

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tcctggctga ttcttttctt ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
40 agaatgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
acgggtacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
ttcgcaacca gcaatacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgctgtcttc tatgcccttc 360
45 ctgtggtgca gctggtgac acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
tctgctacta caacttcttc tgcgccacc cactgggcaa tctcagcgc ttcaacaaca 480
tcctcagcaa cctggggtac atcctgtctg ggctgctttt cctgtctatc atcctgcaac 540
gggagatcaa ccacaaccgg gccctgtctg gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
tccccaaaca ctttgggctt ttctaagcca tgggcacagc cctgatgatg gagggctgc 660
50 tcagtgtctg cgatcatgtg tgccccaact ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
tgtacatgat cgccggactc tgcattgtga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgg 840
gogtgggtct tggcaaaggg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900
55 tcgccaccct gtcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
ggatcttcog ccgcatctc cacgtgctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080
ctgcctatgg gcttatcatg cgcccaaatg atttcgcttc ctacttggtg gccattggca1140

```

5 tctgcaacct gctcctttac ttgcctttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
 ggatcaagct catccccctg ctctgcatcg tttgcacctc cgtgggtctgg ggcttcgcgc1260
 tcttcttctt ctccagggga ctgacacctt ggcagaaaac ccctgcagag tcgagggagc1320
 acaaccggga ctgcatcctc ctgactttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380
 cctccatcgc catgttcggg tccttccttg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
 ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500
 aggggcccctg agctcctttg tgtcatagac cggtcactct gtctgtctgt ggggtagagt1560
 cccagcaccg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggcttagc ttaggcttgg1620
 cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
 10 tgetccccctg ggacccccag atgttgcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740
 ttccatgggc cctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800
 ggacacctc cccatttcat gccttgcat ttgcccgtcc tctcccccac aatgccccag1860
 cctgggacct aaggcctctt tttcctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
 tgaatctctg tcctgtatca gggcccaggt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
 15 tgcccattcc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
 tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100
 ctgacctgtg ctgagggtg gctcttttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgcct2160
 tctgattcaa gaggtgaat tcagagggtca cctcttcac ccacagctc ccagactgat2220
 gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcacccttc ccttccttct ttccaggccc2280
 20 ttagtcttgc caaaccctag ctgggtggcct ttcagtgcc ttgacactgc ccaagaatgt2340
 ccaggggcaa aggagggatg atacagagtt cagcccgttc tgcctccata gctgtgggca2400
 cccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaagggatg tgctgtttcc ctctacgtgc2460
 ccagtcctag cctcgctcta ggaccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
 gcaagtcttg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttgaggtt taaaaagaat2580
 25 tgccccagct ctgggcaccc tggccacctt ggtccttgg tccccttcgt cccacctggt2640
 ccaccccaga tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
 gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtggg2760
 tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgtttt ctatgaatga2820
 atttgcattc aataaacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2137 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

55 gtccgctttc gtctccgtcc tgctgccgtt accgccgtg ctgccgcgc ttgcgtcccc 60
 cgctccggtc tgtgggtgag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
 tctgtctcgc tcagaggaga gcagttcaac cctagcctcc 180

```

ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggt 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
5 tggagctgga ctccagggtat ctgagtgtcg cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gcactgacag 660
aggagcgagc gcgcttctgc ttcttggtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10 cggcctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgccgtg tggcaacagg 780
cctgtgccga ccccagcaag atccccggagc gcgcggtgca gctcatgcag cagggtggcc 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cggcctccaa gtccaaacctg gtcatttccg 900
accccatctc gggggccaag cccctgccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
ggatgtctgc ccaggagagc acaccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg 1020
15 actacagccc gtgggtgac cgcaaggctg ccagcccaa atccctgtct cctccgcagt 1080
ctcagagcaa gctcagcgac tctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgaccc 1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
ccggcctgga gcgcaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctgggg 1260
acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg 1320
20 ccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccccccc 1500
ccgattacgg cgccgctcc cgggccttcc ccaggggcct ggccagcggc ttcaagcaga 1560
ggccctacag tgtggccgtg ccgccttct cccaggggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25 ccatgagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgctgacta gagttagaat 1680
ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgccc tctggtggct tccccgccc tcccatgta 1800
gcctgttctg tcatcatctg tgcgttctg tgtagagaac atccaggccc cggctgcctg 1860
gtcttgcccc acttgagtct ggccctggact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc 1920
30 agagtggggc gcaggccct gaagggcgag acccagtggc tgggctgccc agggctgagg 1980
ggccgctct tgagggtaca cgctctggt cacatggcca tggagccttg ggtaccctg 2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggt gctgggagg gagcctggct gccctgctgc 2100
ttctcctgcc taataaacag gcttctcctg caaaaaa 2137

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2410 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5   ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cggggcccttt 60
   tgcaacggtt tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctggtg 120
   gctgggtttg cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggttttagaga 180
   agtgggtttt aaacgagtggt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgtc agagtgcgag 240
   acttctaggt cccacccagc tctcatcaat cagtttagtg aggggtggtc ccaggactct 300
   gatttttaaac atacccttag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctggttta 360
   gaggcagctc ggcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
   cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gaggggtggc cgggaggaga tgggtggagg 480
   agctcaacag cgggaagggt atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
   tgcccaaat tgtcctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaaggag 600
   cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
   acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacatc ggagaagggt gccaaaggct 720
   caggtgccaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggacccagg 780
15  cccagtggtg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggttggt 840
   aagacagctt ctgggccaaa gcagagaagg agggaggaga ccgtcggtc gaggaagc 900
   ggcgggccga ggaggcacag cggcagtga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtgag 960
   gctgcacgac gggagcagc ctatcaggag cagggtggc aggccagccc ccaggagacg 1020
   tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgcctgcac 1080
20  ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct 1140
   cagcctggca agctgaggag ccccttctg cagaagcagc tcaccaacc agagaccac 1200
   tttggcagag agccagctgc tgccatctca aggccaggg cagatctccc tgctgaggag 1260
   ccggcgccca gcaactcctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa 1320
   cctccagagc agggagacct ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc 1380
25  tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc 1440
   cgtgcctgtg acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac 1500
   ctcatcacgg gcatcgaggt gatcgacgaa ggctgggtggc gtggctatgg gccggatggc 1560
   cattttgcca tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc 1620
   ttgcccttcc cctctcagac atggcttctt tattgctgga agaggaggcc tgggagttga 1680
30  cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc 1740
   ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctgggtgat tcccacacat 1800
   ccttctctga tcccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgccccctgac aggatactga 1860
   gccaaagcct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc 1920
   tgagcagggg catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgctt ttttctttt 1980
35  tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttgg gaacagtga 2040
   cgtagagaat tgttttttag agagtgttg accaaagtca gagtggatca tgggtggttg 2100
   gcagcagga atttgtctt ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc 2160
   ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca 2220
   aaaacggcag acacaacatg ttctccacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagtg 2280
40  tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgtgtgc 2340
   ttcccttatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc 2400
   aaaaaaaaaa 2410

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtgggt ggagagttta agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgcogg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc ttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
    caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaa 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
    agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggccctcct ttcaacatca cccccggaa 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgta tcttggacga 1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaal 1080
    tgaagaaaaa aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt 1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc 1200
    gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat 1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tctagaact 1320
    tgacttgctg cacacgatca ttctgcaaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat 1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa 1440
    gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg 1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg 1560
35  gaaggggcgg gacgaacca acatgaacc caagctggac ttaccaaata gaccagaaac 1620
    ctccttcctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg tggccgtgct 1680
    taagtgggtc atcatcggct tgetgttctt gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct 1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtacaaaag 1800
    gcaaaggcct catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac 1860
40  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga 1920
    gccccattga tcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc 1980
    atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca 2040
    aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcgg 2100
    tctagacttc agcttttga aattgtctaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt 2160
45  gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata 2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgtatgg atgtcataaa 2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatggt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

15  gtcttctttt ttttctttt ttttttttt ttttttttc cctgtggaag tgctttttatt 60
    agcagtaagg ctgatcgtag aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
    gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gtccctcga ccagcaccat 300
20  acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcag caggccctgg ggagtctggg 420
    gtgggtaggg gagtccctggg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccaggtggct 480
    gggctggctt gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgaggaaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttcaact tctcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggaccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagttcctg cgtgttgagg gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
    ccatcttctg ggctcttcc tctgagagtg actcccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcaaaa agtcttctgc cactccagca cttccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtggatg atccccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttgggtact 900
30  cacagggtgtt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
    agaccttaat caacttctca tcccgtcca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag1020
    gaggtcctc aggaggagcg ccccgtgc tcccagcag ctctcctcc tcggcgctta1080
    ctctctcgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg1140
    tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgcctgtca tccagcgtgt1200
35  ggatcagctt ggccgccagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt ccctgttcac accagggtc agctcacact1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggctcg1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccacc1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaagg agatgatctc ggccgggag atgttggcg1500
40  cgatgttgcg catgaagagg gagcaggtc tatgcagcg ccgcggctt cactccagcc1560
    ccgcggcgtc cttgggcttc tccattctt ctctctggg cttctcttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctggggtt 60
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctcttcagaa ggcggagacc gaccctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag acccccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
aggcaagaag cccctgtgga tccccgccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cgggtgatcg gctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agcctcccc tgcaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgatg tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggtcct tcagtgaagt gtttggcctc 540
gggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttggaaatc ggctaatacc tgccctcaga 780
acaccatcca agattcctta ctcgatgtg aacatcggtc ctggagttgc ccaccgcca 840
cgggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctggtgcccc tgttcatcaa taccacagct 1020
gggcctgttt caccacctg gggcgatatt cacggtgggg cgccaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1370 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

gcggtggcga ggggcgtaac ggttgttgta gtccggcccc ctcttggtcg gtccagccac 60
 attaaccggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
 tctggggctg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgagac cgcagcgat ggtgccaccg 180
 5 cgatcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcatcggcct 240
 cgctctcgcc ggttacgtgc ggccacttca tacgctcctg agcgcgctgg tagtgccgt 300
 ggccctcggc gtgctggtgt gggcagctga gacccgcgca ctgtgcgccg ctgccgccgc 360
 agccaccctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgccgtcg gctcctggt gctctgggtc 420
 gcggggcgcg cttgcacctt cctgttcagc atcgccgggc cgggtgcttct gatcctggtg 480
 10 cagcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
 ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctagaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
 ggatcctagg cccctgggat ctgtacccag gacctggaga ataccacccc acccccagcc 660
 cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
 caaacaacac aggcacatctg tgaccgccct acccccacgc cagccccaaa ctaagatata 780
 cctcacacc agccccatt acctagggac aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
 15 caagagccac ctacatccag ccccaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
 tttcaaattg tgaaccaga gacactccca tccacccttc tccatgctca tccccaaact 960
 ggggcctgga gcaaggcact ctcaaactct gaaccctgga ccaaagcttt tccagacccc 1020
 accctacctt ccaaccagc tcaagacatt gccaaactct gaactcagaa cccaagtgtt 1080
 ccatgcccct gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggacccttg tccaggtgat 1140
 20 ccgaccctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgcccctca 1200
 ccccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag gggtaggtg gggacaggcc tcagcaggga 1260
 atggggcgta tatgttagtg ttgctgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa 1320
 aaaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 30 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

ctctgtagttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgacca aaggaggaag 60
 50 taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat 120
 ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaal 180
 aagttgggtc aaatggcatg gacattttgta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg 240
 cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa 300
 tttgaaatac aagaatggac ctccaaaccc atgtatagga gatgggtggga gcagtttggt 360
 55 caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca 420
 caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct 480
 gaggctccca ccccgctgcc tgggcctgtg ggttgctggg cctccacact caaggagggg 540

aaggttgtag agcccgaaac cgtggagcaa tgccctgtct ggctccaaa accaaaataa600
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgagggc	ccaacagcgg	aatcatcgat	gcaggggcct	gaattaatgt	atctgtgatg	60
ttacagcctt	tcgattatga	tcccaatgag	aaaagtaaac	acaggttatg	gttcagtcta	120
tggttgctcc	aactgacact	tcagatatgg	aagcagtatg	gaaggaggca	aaaccggaag	180
accttatgga	ttcaaaactt	agatgtgtgt	ttgaattgcc	agcagagaat	gataaaccac	240
atgatgtaga	aataaataaa	attatatcca	caactgcatc	aaagacagaa	acaccaatag	300
tgtctaagtc	tctgagttct	tctttggatg	acaccgaagt	taagaagggt	atggaagaat	360
gtaagaggct	gcaaggtgaa	gttcagaggc	tacgggagga	gaacaagcag	ttcaagggaag	420
aagatggact	gcggatgagg	aagacagtgc	agagcaacag	ccccatttca	gcattagccc	480
caactgggaa	ggaagaaggc	cttagcaccc	ggctcttggt	tctggtgggt	ttgttcttta	540
tcgttggtgt	aattattggg	aagattgcct	tgtagaggta	gcatgcacag	gatggtaaat	600
tggattggtg	gatccaccat	atcatgggat	ttaaatttat	cataaccatg	tgtaaaaaaga	660
aattaatgta	tgatgacatc	tcacaggctc	tgccctttaa	ttaccctctc	ctgcacacac	720
atacacagat	acacacacac	aaatataatg	taacgatctt	ttagaaaagt	aaaaatgtat	780
agtaactgat	tgagggggaa	agaatgatc	tttattaatg	acaagggaaa	ccatgatgaa	840
tgccacaatg	gcatattgta	aatgtcattt	taaacattgg	taggccttgg	tacatgatgc	900
tggattacct	ctcttaaaat	gacacccttc	ctgcctgtt	ggtgctggcc	cttggggagc	960
tggagcccag	catgctgggg	agtgcgggtc	gctccacaca	gtagtcccca	cgtggcccac	1020
tcccggccca	ggctgctttc	cgtgtcttca	gttctgtcca	agccatcagc	tccttggggac	1080
tgatgaacag	agtcagaagc	ccaaaggaat	tgcaactgtg	cagcatcaga	cgtactcgct	1140
ataagtgaga	ggcgtgtgtt	gactgattga	cccagcgctt	tggaaataaa	tggcagtgct	1200
ttgttcactt	aaagggacca	agctaaattt	gtattgggtc	atgtagttaa	gtcaaaactgt	1260
tattcagaga	tggtttaatgc	atatttaatg	tatttaattg	atttcattct	atgttttctt	1320
attgtcacaa	gagtacagtt	aatgctgcgt	gctgctgaac	tctgttgggt	gaactgggat	1380
tgctgctgga	gggctgtggg	ctcctctgtc	tctggagagt	ctgggtcatg	ggaggtgggg	1440
tttattggga	tgctggagaa	gagctgccag	gaagtgtttt	ttctgggtca	gtaaataaca	1500
actgtcatag	ggagggaaat	tctcagtagt	gacagtcaac	tctaggttac	cttttttaaat	1560
gaagagtagt	cagtcttcta	gattgttctt	ataccacctc	tcaaccatta	ctcacacttc	1620
cagcgcccag	gtccaagtct	gagcctgacc	tccccttggg	gacctagcct	ggagtcagga	1680
caaatggatc	gggctgcaga	gggttagaag	cgagggcacc	agcagttgtg	ggtggggagc	1740
aagggaagag	agaaactctt	cagcgaatcc	ttctagtact	agttgagagt	ttgactgtga	1800

attaatttta tgccataaaa gaccaacca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
gaaaaattat aataagccc caaattaag aaataaaaa 1899

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

agaatgtcgg gcggtgctgc gagggccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
cccttgacgg cctccacaac gcaactcttcg ccactcagcg cagcttggag cagcaccagc 120
ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggctcat ggaagccaac gtcagcctgg 180
acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaaaggga gaagcagcag aaagacctgg 240
aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
ggcctgtgcc aggtgccttg ggccgcggcg tctgggaggc aggatcccct gtggccttct 360
atgccagctt ttcagaaggg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacatata 420
tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggctactt ccgagcccct gagcgtggtg 480
tctacctgtt tgcagtggac gttgaatttg gcccagggcc aggcaccggg cagctggtgt 540
ttggaggtca ccacggact ccagtctgta ccactgggca ggggagtgga agcacagcaa 600
cggctcttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcgagt atggtttgag ttaaccagg 660
gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttcctg atgtttaaga 720
cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gcccagctct cctcggcctg 780
gggctctggc caaggatggg ctggaggtca ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840
ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tcctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960
accttggttt ggcattgcctt ctccagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctcctgtg gttggaaaact tctgtacaac1080
actttaaact tttctcttgc ttctcttct ctctctccct atcgtatgat agaaagacat1140
tcttccccag gaggaatggt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200
agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260
gcctggccaa ccaagggaaa ggaaattagt atctttagtt tcagtcattc cttgtagggg1320
tatgggtttt agcttgtggc ccccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
attccccaca ttaagggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
 ggtattttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
 aacccattta gccttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
 25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaat ttgtaaccaa gtttatatta 300
 aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
 agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
 cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
 tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
 30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgcctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
 aaaacaggga gctagactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
 agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
 gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
 35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
 ctgcagtcctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
 ttgccttcac agagtcctcc ttgacacccc tgacttaaatg atagttgctg ttttggagta1020
 gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
 tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
 40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaa1200
 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
 aaaagtggaa ccctatcaca 1340

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccaggggggc aggatgcggg cggtaggagcc 60
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaatct180
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggcccctc agatggctat ggcattgctg240
gttctaccaa cgtgacaggt gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca ggtaa                                     315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggctcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggaagtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactgagg gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatactttat aattacagtg acttggatca atcaaagtgt actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtggaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaaa 480
gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgagaa 600
ccttgggccg ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggag 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgcctct gctcctgatg tggatgaccc 720

```

```

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaat 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
gtattgctgc ttgcaaatat gcattttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140
acaaactggt tttaaatatt gg
1162

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

```

35 cggctcgagg cccccgcctt gtteggcccc cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120
tcccaaagag cgccctgcgg agcctctcac ccctcccca tcctatggcc accagccaca 180
gacagggtct ggggagtcct caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240
atgcaagcct cggtcccca agctgcagc cccggcggcc cctccattct cctcttccag 300
cggtgtcttg ggtaccgggc tctgtgagct agatcggttg cttcaggaac ttaatgccac 360
40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420
agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
tcctggcctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
ctcactctct gacttccgcg ttcaaaacca tcttccagcc tctgggccaa ctcagccacc 600
ggtgggtgagc tccaacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
45 cctagacacc atgctggggc tgetgcagtc cgacctcagc cgccggggtg tccccacca 720
ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
gggcccgcgc tggcaccgcc agcacttcgt ttgcggaggc tgttccaccg ccctgggagg 840
cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgtactt ttgagcgctt 900
ctcgccaaga tgtggcttct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
50 cactcactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga1020
gggtttccac gagcgcgagg gccgccccta ctgccgccc gacttctctg agctgttcgc1080
cccgcgctgc cagggtgcc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgc1140
gctctggcac ccggactgtt tegtctgcag ggaatgcttc gcgcccttct cgggaggcag1200
ctttttcgag cacgagggcc gcccgttgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc1260
55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tcctgtgac cgccgctgc gtgtcggccc tgggtcgccg1320
cttccaccgc gaccattca catgcacct ctgcctgcgc ccgctacca aggggtcctt1380
ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcc gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca1440

```

gcccgcctcgg ctgcgcctct cccccggagg ccgcgcctct ccggaaaagc cgggtcctcc1500
 agacccccgag gccttgctct cagagcggga ggccccaccc actggagagc cccgcccccta1560
 aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaacccaca1620
 cgccccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccgtg cgggcctcca ctctattccc1680
 5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc1740
 aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800
 aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
 aagaagaggt cagggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc gggggccagg 120
 35 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gccccacagg gaatggcctt ggcctggccc 180
 agcccaagat cccagcgtaa tctaactcct ggagggtgga ctctgtcctg gcttggttgg 240
 tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
 tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatac atgcaaatac 360
 tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
 40 cctgttttgg ggtgggttct ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcatc 480
 ctcttgagtg tatgtcccca tagtgggccc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540
 atttgactag agttgctggc tcgaggccca gcacaggagc ttaccctggg gttttgttag 600
 gtttggaagc agctgtccct agggggtgaa gtcccccccc tttttttttt ttacccttg 660
 cttctcccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtct 720
 45 ttgcagctat gatgctaggt ggtttctaag cacaggggac accccacacc ccctgcctga 780
 atggatgggt ccatcccagg cactggtact tgcccccttg ttctgtatcc ccctttgccc 840
 ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900
 acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagtgtgggt tttggagtct 960
 gagcctcagg ctcaaatacca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct ggggaactttg1020
 50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080
 gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20
ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60
ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgaccctgaa 120
cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180
tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240
25 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300
ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360
agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420
acaagggtga agctccagag cgctggtctc caccctggtg cccttgggcc tgggtgctggc 480
agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tcgaccgagt 540
30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600
tggagccaat gacaacatgg gagcctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660
agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720
aaggatcatc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttcttgcctc agtccagcac 780
cgtggccgcc gaggcccagg acggcccccga ggaagcctag acggtgtcgc cgcttgcctc 840
35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900
acccactccc ctgctctaac acctgcctag gtttttcccta ctgtcctcag aggcgtgctg 960
gtcccctccc cagtgcacat aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020
atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtag ggagaagaat 1080
agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaga gggaccagg tgggagagct gattgcagaal 1140
40 aggagagacg tgcagcgccc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200
tccactccat cctcctctcc cgtccttccc ctcttcttct ttcttccat caaaagatgt 1260
atttgaattc atactagaat tcagggtgctt tgctagatgc tgtgacaggt atgccaccaal 1320
cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaaagaagc cacagctctt cttggcgtat 1380
ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440
45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500
ggtaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560
tgaagcggtt ttctttttct ttttttttt tgagacggag gtcttcaact tcgcccaggc 1620
tggagtgcag tggcgcaatc tcgg 1644

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2184 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
55 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

tgcagtggtc agagtgcacct ggtataaggg agagggcatt accttgcccc ctgtgctgac 60
tcctgcccc gtgcgagggg agtccatccc gatecggtc ttcctggccg ggtatgagct 120
cacgccccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
gctgatagac gaggaggagc ggcgtactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcgga 240
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcgcc atcgctcac agcgcttga 300
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
gcagtaggac cccagggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctacca 420
caccagcggc tgggggcggg ggcggacct gtgaggctca gttgaccgt tacttgcaac 480
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaacca aggggcttg 540
gggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cggcgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttctc cggggggctg ccttgctct 660
tagaggaggg agagcagaga gcacgcattc ttggtctctg gctctctgag ctctctgata 720
caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaca gggccctgg tagtcacatc 780
ttgtactccc ctttgctgtc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagc cccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagttccca caggccacct ccttctggcc actactgct gggaccagc cacctccct 960
ctccatcctc tctggattgt cagtaatgtc ctggaacaga agcctgtagg atggccttg 1020
35 gcacggagaa gccctggggc cagtgtcgtg caggatggc ggcagtgtt aaccaggag 1080
gctgaaccgc gccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cagctcgctc 1140
cacttggtaa cccaaggctc tgggtgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagcc 1200
cttaacaaga gggcctggtt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggctt tgatccctcc 1260
gccttgctga gactgaacct tcgtctctcc tcaccctcca ttctattctt gggaattggg 1320
40 gcttagtttc gaacctttgg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc tttaccctcc 1380
tccctatagg ttacacaggg gagaccaggg cctcggcaga agactgctgc cacacttccg 1440
aatcattctg cttgccaaat aggtcatctt caccagttga ctgaccacag tttaggacca 1500
ttggtatcgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc 1560
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggt agtaagttg 1620
45 tttactgtcc ttttctgct tccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc 1680
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtacggt atttggcagt 1740
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttagt 1800
gtgggaaagg aagacttctg ttttctctag atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggc 1860
tcatggatca gagctgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg 1920
50 gcggcagcag aaccgaggaa ggcaagggtt tttccccac gctgtgtcct gtgttcagg 1980
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaagg 2040
gggcttaag tggataaggg aggcaagttc tgggttccct gccttttcag agcatgagg 2100
caggctctgt atccctcctt ttcctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc 2160
cctgtgtggc cttccccccc agag
2184

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttggtggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggctccc ttctgcccc ttgtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
agagggtgct atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaca 420
gttgaaaactg gaccccagca tttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatattac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcaggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttcgacctg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg ggacaagata tcctgtccag gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctggtcc cgggtgtgct gtttggtgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctc acctacctgc accgcgccct ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
tgcatccaac cgaggcaact gtgtcatcag aggactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gaccttctgg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca 1020
40 ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga 1080
ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgagggtact cagtgcagct 1140
gctgaccccc gccaaattgc ttgctaaaa caacgggaag gacagcattg agaaagagca 1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgcaaaa tcctgggctt 1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gaggggtttt cagcagctaa 1320
45 gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg cctgggggtt 1380
tgggggctgc cttccccat tcaggcggtt ggttgacagc ttgttcaatt tcagttgttg 1440
gaaagcgttt ttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttggggttt ttttgaaaag 1500
-aacccttctt - - - - - 1510

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tctgtttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcggcag cagcagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgataatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttggaaag tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaagata aaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggaagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagttaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggtg 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctccttcaaa attaagacag 840
tggcccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

5      gcaggacggc tctgggcect tectggetga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
      aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tctgtttcct 120
10     ggcacgaggc cccagcggcc tectgctcta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
      cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccgccg cctggagttc cgctacgacc tgggcaaggg 240
      ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggaeca gggctctact 300
      ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtgggcgac ggcccccggtg tgttggggga 360
      gtccccgggtt ccgcacaccg tectcaacct gaaggagccg ctctacgtag ggggcgctcc 420
      cgacttcagc aagctggccc gtgctgctgc cgtgtcctct ggcttcgacg gtgccatcca 480
15     gctgggtctcc ctcgaggcc gccagctgct gaccccgag cacgtgctgc ggcaggtgga 540
      cgtcacgtcc tttgcaggtc acccctgcac ccgggcctca ggccaccct gcctcaatgg 600
      ggccctctgc gtcccgagg aggtgccta tgtgtgcctg tgtcccgggg gattctcagg 660
      accgcaactgc gagaaggggc tgggtggagaa gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
      tgacggggcgg acctttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcaactgca 780
20     gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgcctctggag 840
      tggcaaggcc acggagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
      actgagctac aacctgggct cccagcccggt ggtgctgctg tccaccgtgc ccgtcaacac 960
      caaccgctgg ttgcggtcg tggcacatag gctcctcccc gctgggcgcc acgcagctgg acactgatgg 1080
25     caatgaggcg cctgtgaccg gctcctcccc tggcgagag ggaggttccc tgcaggtggg 1020
      agccctgtgg cttggggggc tgccggagct gcccgtggg ccagcactgc ccaaggccta 1140
      cgccacaggc tttgtgggct gcttgcgagg tgtgggtggg ggccggcacc cgtgcacct 1200
      gctggaggac gccgtcacca agccagagct ggcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
      cagagcccccg cggccgctgt aattatatttc tatttttgta aacttgtcgc tttttgatat 1320
30     gattttcttg cctgagtgtt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg 1380
      cagccgtgct gcagacagac ctagtgtgta gggatggaca ggcgaggtgg cagcgtggag 1440
      ggctcggcgt ggatggcagc ctgaggacac acacccctgc ctcaagggtg tgagcccccg 1500
      ccttgcaactg cgcctgcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tectgaatca 1560
      ccctcgtctc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgatg 1620
35     gggcccttcc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcctt 1680
      cctgtgtgtg ctctggaccc tgccctcgcc tectgcgcca atactgtgac ttccaaaca 1740
      tgttactgct gggcacagct ctgcgttget cccgtgctgc ctgcgccagc ccaggctgct 1800
      gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgtcctg accctcagct ggccctgccc 1860
      agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatcg 1920
40     agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgccgcct gcctgggtat ctgggcctgg 1980
      ccattgctgt gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtggtg ggtctcatct 2040
      ttcccattct gcctgagagc ggctgagggc tgccctcactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
      cggctcagtga aaagtcgggt ctttgtccta aaaaatgacc aaggggcca gcaagttttg 2160
      tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaaa aggttggaa ggaatttt 2208

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10

```

gaaaagggg agggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttggtca ccctccctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
15 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283

```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 184 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

40

```

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaaccc gtgcaggtga120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcaggga ctgaaacatc ttagtacctg180
45 cagg 184

```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
caccaagccc cggccgacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccattggccat 120
gcgctcctgt gtacagggtgc ataaacacat cagtgtgcc a tccctcacat gcatgtcgtt 180
ccccaccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tcctctggga cctctgcag 240
atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggctca ttctgctctg tcttccccac 300
tgcctcagtt tccccaaaaa gctgctttca ctctttgggc gttagggggc tcccatgggg 360
gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcctc 420
cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgcagcg aatgcacagca gctgggtggg 480
tggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcctggagg 540
tgtggggagg ggggcgtggt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccagagagag 600
aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggg ggggtggcagc gggggccgct 660
cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgcgcg aggtcgcccg cctccccccg ctccgccac 780
ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
gaagtggaag ggtggcacct ttagaccgc ggtcttgagg cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
gggcgtgaag gatttgcgca acttgcccc gacgtcttc agtttctcgc gccgtcggc 960
gggcaccagg cgcgtgccc gcttgctcat gcgtctctcc aggtgtgccc gcgtctctc 1020
caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtc tcgcgggtac gcacctgggt 1080
cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt ctgaaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcccgt cgcctcgcgc cagctcctcg 1260
ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320
ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaaggt tgcggcgccg cagcagctcg 1380
gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc ccgcctggc gctccagget gccgcgcagc 1440
gtcttcacgt tgacgtgac ctgtgcac tctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
gtggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgcc 1560
tccatctccg cctgcgcgtc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgctt gagccccagc ggaggaagct 1740
ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcattcttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttgatga gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacgt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttgttgatg 360
    acttcttggtg gcatttcaca cactgtagat ggtcactccc ttcagtcca tgtagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcagtcca 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
    ttagaatggt gcagaaagag ataccttttc tggatatttt aaagttttaa ggtagcttc 600
25  tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacattt attaatctt gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tggttttatg aaaccaaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    ggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
    tttactccaa agacttgat tggaaattac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
    ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa ttttttggtg tcataatcaa atacttagtt1080
    gtttttgatg ccccaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
    atcttacaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc1200
35  acgaatgttc cctctggggt acttggttaa gctaaattta ttttgottcc ctccacttag1260
    aagtgtgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
    gtcttataaa aattttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaatgt atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatatt cacttatata tgctgggctg1500
40  gattaagctt tgttgatgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
    tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaacaaaa aaaaagggcg cagcttccct1620
    ggggggaatt actggaagcg ggttaagcg ga
    1652

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgacctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgctgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggtg gaccccgccc 420
tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc ctgtgtacaaa tgtgtcctga 480
agccccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tctggccac caccaccact gacctagggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccata tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccag ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
ctgtgtctcat gtatgtgctg gccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac ccgcacctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacgggtg acccggcagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg1020
cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcacatctgcg tgtcgtacct ggagcccag1080
cagca 1085

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66


```

5  gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
   ttccccggcc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120
   tcatggcctc tgccttgagg ccaccccggtg tccccaaagg taagggtgtc ctgccttcac 180
   actactatga gagctttcta gagaagaagg ggcctgtga ccgggattac aagaagttct 240
   gggcaggcct gcagggtctc accatttatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
   tggagaagct caacttgga gcatTTgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
   cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccgaa tcaggagatc aagttcaagg 420
   tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480
   gtgtcccgac cgacttgacc ctgcttccgt ggcacctata catgatgtct gaagtcttgg 540
10  ccaaagagga ggcgcgccgt gcaactggaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600
   tggaggcaca actgtcctg gagcgctacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
   gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
   gtccggcatt acaaggtgaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaaacagg 780
   gttctcttgc acctccctgg acgcccgtgt caactatttc gtgtcgata caaaaaaggc 840
15  gctggtgcca ttctgttag acgaggacta cgagaagggt ctaggctacg tggaaagcca 900
   taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtccctgcacc 960
   ctgcacaggt ggccccaagg cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tggccccact 1020
   gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccctt attggagatg gccagctgt 1080
   tgactatgag aaccaagatg tggcttccct tagttggcca gtcctcctga agccaaagaa 1140
20  gttgccaaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggtt ggaccaagc cagagcccaa 1200
   agtctttaat ggtggcttgg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
   ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa 1320
   gagcgggggc actggtagca tggtttcgga cacaccaggg accagcgggt tagttccagg 1380
   gcgggccagg tgg                                     1393

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

50  ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
   gctgcgggtcc ggtgtgacct cccaaggcat tcaccctggg agtccctggt gctgcacccc 120
   aaccagggca gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
   aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgagggt tccatcacgt ccgcccacat 240
   cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctggaa 300
55  tctgacgggg ggcattggtg acgagggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
   ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgctt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
   ctcggctgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

```

gagcatcaag agcgggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgccctt 540
ctcgggggac tcccagtaga tcgtcactgc ttcctcggac aacctggccc ggctctgggtg 600
tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcgggccac cagaaggctg ttgtctgect 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctc cgggactgcc tgggtgcaggt 720
5 ggtggcagct ggaggggacc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgccttgacc tgctgggcca ggctgccctg 840
ggactctcag cccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctcgacccaa gccaggctgc 900
aactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
ctgaggggtc tgaggctggt gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc1020
10 cgcgtttcag ggctcgggc catagagaac accaccacca tggccaggtg gaagggttta1080
ttagtccttg ccagcagctg tcctccctgg tgcaggtggc ctggccagcc cactggattg1140
gggacgggcc aggctgggcc aggtcggggg ctcatgtctg gaggtaataa aagcagaccg1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttccggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180
ccccttggtg taactgattt ccttttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcatg 300
tttacttggt ttatattgat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttcctt agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgacccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gttaagtgt aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatag agtttgcttc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840
acactgtgga aggccgagggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctacaaaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtggtcc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggaggtcaa ggctgcagtg1020
agccatgatc atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaaa1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 774 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggttggg gatacagtga 60
tgacttggtc tgcctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgacl20
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180
aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240
ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggtatgtc tgtgtgcaact gacacgagcc300
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc atttttcagt tctgtaagca420
catcacccct ttctcctccc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480
agcagccccct aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttccccc ccactgctgc540
tgacagcctc atttgctggg ccactttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg720
tgtgcgtccc tgggggggcg tgggctaaac cccttcctgc cccctttctc cttc 774

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 426 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcatttttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
aatcagttac tcttttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
aaatgtaaāt tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
ttgagtatgg attaattgaa ggatacctct acaattattt ccttttagtca aggttgtagc240
taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaatctttt tcgtattggg ttttatagca300
15 ctaaaccctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaaggtttt360
tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
caacag 426

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa ccttgggggc gccccagggt tcctgcgcac tgccgtgttc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120
45 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttccctct ccctcctttt tattttcaag ttcccttttta 240
tttctccttg cgtaacaacc ttcttcctct ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgcgcc 300
cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtca cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatatg gtgtccgaat 780
ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccagggtcctg tttcaagacg tgactttcac 840

```

```

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg caggtgtctt 960
ccattttacac caaggggata ttctgagtgt cataattccc cgggcaaggg cgaaacttaa1020
cctctctcca catggaacct tcttgggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
5 gctcccagct tggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttcctgg gtttggctcc ccgttcctca1200
cttttccctt ttcattccca cccctagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320
attgttcaga cctgggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380
10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 691 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN^a

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

ctgccttccg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgcccagg ttgaggccga 60
gttccagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tcctatatca ctgcgcctcc120
cggtagccgc gccgcgccgc ccaaacctgc gcccaccagt acaccggag cgccgacctc180
cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240
gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
40 cccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctacgattg ccacctgggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaagggaa ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtccctttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600
45 gatttcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
691

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcggcat gaggacagag cccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttg tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtggtgctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaaata aatttgcttt 540
accttgggtc tttcttttgt gccagtattc aagtgggtata gctctgagca gggtcacatt 600
tgcccaaacc tgacactgtc ttgctgcatt ctctttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttcctagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
ttttcatggt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgaggtgt gttccccctt 780
30 gcctgggtcc agctgtcaga gggataccat cctaggggtc gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgtcta cctgtcctga 960
acctggctct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgac tctgggggtt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
35 ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgaggt1260
tccctttttc ctctctcagg ttttgtctct tctgtgttg tccccagcaa gggagagact1320
gtgggggtga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tgggaacagt1380
40 gggagctaac tgtaatgag gagagtaacct gctgcaggac ctggaggtca ggtgtgaat1440
ctgtattggc acagggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct ccgtcaagtc1500
cttctgtga tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggtgcc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
tggtatgccg aaactgggag gggtttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
45 gccttttaaa gccccccctg ggccc
1705

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

15  gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
    tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcagc 120
    aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
    ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240
    taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
    aacattatgg tgattatggt gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
    agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
    caaagaaaaac acccttccct ccttctgcc tttactatggc aacttaagt tatctgcagc 480
    tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
    ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatat actgcgatta aaaagttctt 600
    gcaggtaatg tttatgatat gttaaacgtt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
    attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
    agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
    tagattcatt cagtggacaa gttccttgtt taactacaca gctatgatg aatgatatat 840
    ccaagttcct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
    agcttaaaat ggcattctct agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
    gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttgagtgtt tgctaaaaca aatcttagta 1020
    gttttgcccg tttaaaacaa ctcaaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc 1080
    tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt 1140
    ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa 1200
    tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctaaataacc aacatagatt 1260
    35  tacatagtaa gtttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac 1320
    attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg 1380
    aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgcttttaaa taaactcagt 1440
    acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgcc 1500
    cggggatattt tccggg                                     1516
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

10  gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
    tttgctgcct ggcttgagg ccctgcgcc tacattctct ggacccact atgtgcctgg 120
    caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
    gagtctggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
    ccctccacct ccacgcccc ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
    tttcttccgg ttttgactc tggtgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15  tttggagatt cagattgagc tgggtctagg tgtggcccag gcattgggca ttttgggaagc 420
    ccccgaggtg tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatcccatg 480
    gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtgggtg gagagctgag 540
    catgtgtgtg gctttagtgg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcaact taggaaagac 600
    acacttggga tcccagggtc gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttgggggcca 660
20  gggcgaggag gggtcacctg acactcttgt gaggccctt ctagtgcctg ctcacaccgg 720
    aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaaa cgtcactaag 780
    aaagaagagg cctgcccgtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
    tcagaaaggc ccggaagtgg aaagcagggt tcagggctgc tgaggtacag ggttctcctg 900
    taggccccag ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgcg tggtaaattg atggagccca 960
25  ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaaccta gcccttctga agccgacctc 1020
    acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc 1080
    cccagagat gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggcaa 1140
    aagggacctg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtgg tggggagatg accgtggatg 1200
    gttgaggtgg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgagggt 1260
30  ctgcgcatga agcaaggaag cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct gggggcaggc 1320
    gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg 1380
    gagaacaaa gccgcactga caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac 1440
    ctctagaact gtaagataat aaattggtgt ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa ggcgattttct 60
gaaatcgaa atgctgcatt cctggcccga gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tcaactccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca cttcatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tgggtctttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg actgacctga ctggaatggt 660
aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataagtgtta 720
15 cattcgctccc ccggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggtaaagtcc aagaagactg attgcacctg ggaccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcacctttc tgttttctctg cagtcagggt 960
gggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaata 1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttgggtttga agttggggtg 1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggtg 1140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaagggt acctggtttt agccacagcc 1200
acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacagggttt taaccacaaa 1260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa 1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggtg tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa 1380
ggcccaagtc ctagggtgct catggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat 1440
ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt 1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag 1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacct ttttttccct 1680
tcagttaaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagtccgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcattg gaccacttct 1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaacaa 1860
ctttatttgg gaaaggaaa cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa tttataaaat 1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc 2100
attgacctct gtgctttcat tccatagatg gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
ccccaaagt atggccctgg agggggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc 2280
tctgaggtcg gccgtctttc ggggtgttcc ttttggcaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt 2400
actatcaaaa aaaaagaaag gggaggggaag ggggcggagg gggtaggagg gggggggggg 2460
gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgcctcg agc 2513

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
accgacggcc gcccttttcc gtcttttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60
tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
cttaagggtta tatgtacaga ggaaagggcg catggtcata ttagctttcg aaagaggact 240
gcactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
tgttctgttg tggtgaggga aagaacatg ctttgaaggt tttcccttgt caacagaatg 360
tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcagtgtat tcatatatat ttaagttttc tcctaaggtt 420
tttgcgtgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaattattg aacctgtgaa 480
cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
gccatcacag gatcttgga atgtttccta ggggtgtgtaa aaattaacca ggggggaatg 600
aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660
ctcctgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
aagcccagga gagcccggtg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840
cgggcgctta taaagctcag atgtatagtg acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
aaaaaaaaaa aaaaaaagcc tttctttctc acaggcataa gacacaaatt atatattggt 960
atgaagcact ttttaccaac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc 1020
cagatgggag acccatctct cttgtgtctc agacttcata acaggctgct ttttatcaaa 1080
aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc 1140
actatacatc tgagctttat aagcggccgg gaggaacaat gagcttggtg gacacatttc 1200
attgcagtgt tgctccattc ctgacttggg aagcttcgcg ttagaggtcc tggcgccctc 1260
gcacagctgc cacgggctct cctgggctta tggccgggtc cagcctcagt gtgactccac 1320
agtggccctt gtagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcactctgtc tctgagggaa 1380
tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgcttc attccccctt ggttaatttt tacacaccct 1440
aggaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg 1500
tctttcccaa cctgaggatt tctgaaaggt tcacagggtc aatatttaaa gcttcagaag 1560
catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatgaa 1620
tacatgcgca atacacagc acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaaagc 1680
atgtttcttt cctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc 1740
ccatgtaatt cttcaatggt aaacagtgc gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc 1800
gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag 1860
tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatggc aggaaaccat 1920
ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 788 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgcccc  gccgcggg  cgagatgat  tccgggtg  ggttggtc  cggcgagtt  60
gaggactcg  tggtcgag  gaggccgg  cggcggtc  gaccgccc  gtcctact  120
gccaaactc  gcgagccg  gtggtttt  gaagaaac  aaagcagt  tgatgttg  180
gtgctgact  tcaagaa  caaaggag  ctggccta  gacgaca  gtatcaga  240
gcactgcag  agtattcc  tatctctg  aaattgtc  caaccaat  tgccatga  300
agggatgtc  aggaagg  ggctcgg  ctggctca  tgggtagg  tatggagg  360
ctggagatt  ctgcaa  ggaaaata  gcaacca  cagaccat  aaccacgg  420
ctctacct  agcttg  ttgttca  ttgcaga  tggagaaa  aattttct  480
ctgcagaa  tgatttct  gcatcctt  aatccttg  actggggc  attggcag  540
gcttacct  atctggg  agctcttc  gcagcact  cgtcatct  gaaacagc  600
agtttcac  caagtga  aactatca  tccttctt  cacactca  aaaagact  660
cttttgt  ttcctga  cttgcctg  agctctta  ttttctgt  aaggga  720
aggaatgg  ggaaaatt  gaagtttg  aaatgtgc  acctggtt  agaaagg  780
acaggttt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

aacctccctc  gaggaatt  atcttcag  ctcccact  acaatcta  cagcagct  60
gaaggaaa  acgccaga  tcagacgt  ctctcctc  gtctcgg  ccgcggac  120
ccgtaagg  gcccgtag  cccgattt  aatgcggg  aaccccg  gccgggtg  180
tcataggg  ctccagg  cggggtg  gaaggagg  cggggat  ggggtttg  240
aagggggc  tagaagg  aaggaagg  gaaatttg  aggggggg  gggggtc  299

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2263 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaagggtatt ccctgggaag atttcagtga 60
cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120
gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180
ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240
ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300
ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaacc tatgatttga 360
cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatgggttag 420
catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccacaa gagccctttc tgcgttgctt 480
ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540
gtgggtggggc ccctgagtggt gcgtgctgctc ccggctacca ggaagatgct aatgggaact 600
gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tcgactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660
tcactattgt gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720
tcacagcaag atcaaataac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780
actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacg gcttcaccaa tcttgagca gaaggagcg 840
tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaaat ccctattcaa 900
gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacataa gaatgtggaa cccgccatgg 960
cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag 1020
caccagtaaa gatctggcct ccgggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080
aatggaagtt gtgaatggtt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140
attaaatgta gtagatgcta ttagcgcttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtaca 1200
aagtactgag acaatggtta ggggtgtttt cttaattctt ttcctggtag ggcaacaaga 1260
accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctctctggca aacattgctc 1320
ttgagttaag tgacctgaatt cccctgggag acatacgcac caactgtgga ggtccgaggg 1380
gatgagaagg gataccacc acctttcaag ggtcacaagc tcaactctctg acaagtccag 1440
atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500
agcttgcaac ctagcctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560
ggaggcgtgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaata tagaaggcct ggactaaaaa 1620
tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680
gtaaaaaaca tgacctggta gaaggaagag aggcaaagga aactgggtgg ggaggatcaa 1740
ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcccttaggt cccctcctcc atcagcaaag 1800
gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860
atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaaagggt 1920

```

gcgagagggga gcttgtgctc aggagtccag ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100
 5 taaaaatggt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160
 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220
 ttgttagatg gtgaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgctg aatgaagagt cttataaaga 120
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240
 ttcagtgtca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360
 atgggataaa cagctggtat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420
 attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaa 480
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgga ggtttaatct gatataaaaa taatcattga 600
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720
 ccgttggtcg ggacttaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagttcat 780
 45 gaccacaaat gtccacagtg tcttctctcg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840
 ttgtggcaga taactggcct atgacacctt gaaaagttca agtgctcata taacacacca 900
 cactgaaccc ccttctctac agcaatatgt tcactatgtt accaatttgc aacttgtgct 960
 tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020
 tatgaatgac cttatctgtt tccctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080
 50 gtggtgtgtc gtgcatctag tcccaactat ttggggaggc gaggcaggag gatcgcttgall140
 gccagaggat ttaaagctgc agtgccctgt ggttgccact gtgaataact gcaactccagc1200
 ctgggcaaca tagcgagacc tcatctccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260
 taagaggctt ccctggggga ccag 1284

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacaggtt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaattca caataagggg tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaata atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt ggggtggctac tgtagaaat ggctgtgtgc atgttttctg 300
gactttgcca gccaacagat ccctgccagg ttttggaat acttctatta cctcgtgtct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagacc cagaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttcttttagt 480
aagattatth taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg tttgatgttt tggtagttta cttacggagt ggggtagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgtcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcatgtt tgttttaagc 780
tcaggtaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataactttca aggtaattct agattgacat tttgagggga 1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta 1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag 1140
atcaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgta 1200
tgaggggttg tcttgctgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc 1260
ccatgtatth gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc 1320
45 ccccgctctc ccagg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15  ggcttgtggc ggctctgcca caggggcagg tgttgagggg ctcccgggtcc ggctgcccgc 60
    gctccccgcg tccggaccccg gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgccggtc 120
    caggagggcg caggagcggg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
    aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
    ttgacatgca cagaccttga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
20  cctacagagt ctgagaagga aattttataat caggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
    ggcattcttg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
    cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
    ggcaaattaa agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
    ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccaccagc atctagagcg agagcaggct 600
25  cttgctaaac agtttgca gaattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
    acaaactctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
    attacaatg tacgggcaga aggagaaaaa gaagtaaata atgaattggc aaatcgaatg 780
    tctttgtttt atgctgaggc aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
    tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30  gctagtgtat gcagagtcac gctggaaaca ccggaatata gaagcagatt tacaatatga 960
    gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta 1020
    catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtg tatcaaagtt 1080
    cttaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaaca 1140
    aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaatataat ccatgctgca ataacaattc 1200
35  tggaataagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt 1260
    tttagtgtat gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttcctc 1320
    ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagtta 1380
    cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagctaata tatgcattgc 1440
    attggggtct ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt 1500
40  ttttttgaaa ctaatattta atattgcttc tcctgcatgg caaaactgcc tattctgcta 1560
    tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aaccaaatag 1620
    aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtagccaa cacaaacttt ttttaaatta 1680
    gtaatacttt tgtttaaagt tttaagtttg cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt 1740
    tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg 1800
45  tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcattt 1860
    ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15  gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagggcctgc ctgtggagct 60
    gggcgagtgc ccactgctca agcgcacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
    ctgccaccgg aggtgaagga gcggctgtgg agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
    ccggcccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtc caggcccggg aggggcaggc 240
    ctagcttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20  ggccgcttgt gagtacggcc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
    cctctgaga ctcacgtccc ccagggaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
    gcagtatttg gataatcagg gtctctctcc tggaggccag ctctgcccc ggggctgagc 480
    tgccaccaga ggtcctggga cctcacttt agttcttggg atttattttt ctccatctcc 540
    cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25  ttcagggaag ggtgggctgc cttttccctt tgctcttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
    taacacccac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
    cagcagtggc gggctgggct ctgcggtgag gtccacggga gaggcaggct ccagctggaa 780
    aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
    ttttttaatc aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tgggttgggt 900
30  attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
    tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
    tccctgggag cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctgggt tgaccttggg ccaggagtct1080
    tatttgttcc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
    ttggcaggca ctcatctctg tggtgtgctg ccagaggga tgttctggag ctgccaagga1200
35  gggaggagac tcgggttggc taatccccgg atgaacgggt ctccattcgc acctcccctc1260
    ctctgctctg ccctgcctc ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
    cagactttgt ttcccaccg cctgcggcat gggtgtgtcc agtgccaccg ctggcctccg1380
    ctgcttccat cagccttgtc gccacctgg ccttcattgaa gagcagacac ttagaggctg1440
    gtcgggaatg gggaggtcgc ccctgggagg gcaggcgttg gttccaagcc ggttcccgtc1500
40  cctggcgctt ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggg ggctggaagc caccctgctt1560
    tagatcactc ggggtccccc cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
    aaggcacggt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
    gtgttttctg cgtcgtgtca ttggatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
    caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact ttagactcgc gtcacagtat1800
45  caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa
                                     1829

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

15  cgaaacgccg cggagtgagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccc 60
    gcgcccgcgc ctcggctccc atagcgcccc cgacaggggc cggacgcgcg ccgaacatgg 120
    actccgcgcg ccaagatata aacctgaatt ctccatacaa aggtctgctg tctgactcca 180
    tgacggatgt tcctgtcgac acaggtgtgg ctgcccggac tcctgctgtt gaggtctga 240
    cagaggctga ggaggaggag ctcaagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
    ctctgcgcca ggtcctggca gccaaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
20  gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
    tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgagag gtggaatgag aaagtgacct 480
    agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
    ctgccctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggaagct tggagacatg aggaactctg 600
    cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
25  gagagaacgg cagtgacaac ctcccttcct cagcggggag tggtgacaag cccctgtcgg 720
    atcccgcaac tttctaagcc tgtggttgct tcaccgcgtg cagagcacac gcaaccagc 780
    ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccagggcgg atgagcagag 840
    ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgcgcg tttgcatgaa 900
    tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt ttacactca cgtttgtaga tgaacagat 960
30  cactgtgctg tccttcctag ggtgacagga agtgagcagg gcggagggtt tgaagaata1020
    ttgagccaaa gccaggctc cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat1080
    tgaagagttc taagcataaa ataagtggca tttctgact tcttctcct cctccttccc1140
    tgactcacag aaggaatgca atcaccagc aagtcctacc tgttacgcaa ttttttatct1200
    caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagacct ccagaaagga aactgacct1260
35  cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatttttt1320
    aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaaaa ttaggcaaag cagcttttagc ctcatagaat1380
    attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccttatgc tttatttctt1440
    tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat1500
    tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc1560
40  catcccagtg tacaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctccgcg tggctcctat1620
    gccctgccct aaagggctct tgagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc1680
    ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccccttct cagtgtgcc tttgcatggg1740
    cctggcccg ctcgcattcg tcagtgactc caaccctcct gcttgtctga cttgggatga1800
    aacgacccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcat cagccaggat tgccgttaca1860
45  gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggtcgc accccagcag1920
    cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt1980
    gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac2040
    tcccgggagg ggaagggctg ctcaactcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc2100
    tgacagccgt gtccccggac agttcagaca cccttgggga tggcactcca cacacgacag2160
50  agatgcaggg gccagggaag ccagcgcctc ggtgcccttc gtccagggtt aaaatcggcc2220
    tgtgggggtg ggtgagaagg caggttgtgc ggggtgttgac cgatgtatct tttccttaaa2280
    gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

2358

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

20  cagctgcgga actgcgcgat tgtggttccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
    cccatctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120
    gaggtccgcc ctccccttca gcgacttggt ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
    cacttccggg aaggggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240
    tctcagactg tgtgggtggt ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300
25  ctcggtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
    ctgcttcact gttgctcttg gcaacatcca ctccgggag cgagtgccgt ttcccccgct 420
    caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgcagct 480
    gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
    caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggtcagc 600
30  agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660
    tggcccggtt ctataatggg cggctcaagg tgcagcgcct ctgctcagaa atggaagaat 720
    tagccgaaca tggcatatth ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
    aagaattgaa attgaaggat gaatgggggtg aaaaatgcgt acccagcgga ggtgcagtgt 840
    ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
35  tggttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatata taagaaacaa gtggaagccg 960
    gtgtctgtgt taccatggag atggtgaaag atgccttgga ccagcttcga ggccggtga1020
    tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag tttgaaaata1080
    aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgtcat taaagaggca gaggcgact1140
    gtggtgggca gccaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaa1200
40  tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagagctc cagccccaga1260
    gcctattatt agcagtgagg agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga1320
    ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaaactac catgggcgga1380
    taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtggg gaccaagatg1440
    aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca cttttctcct aggcaattat1500
45  aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acattttctag1560
    ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggttttagaa cttaataaat1620
    acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

gcggggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60
gagtctctgc gtctttccct ctcccgctgc ctcatcctt tccttcctag ccttggtcgt 120
cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgccgcgc ccctcggcta 180
cgtgccgggg ctgggcccgg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240
ccgtgatgca aatgaccctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttgg 300
ggaccagatg aagaaaaatc aggctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacaccaa 360
ttacgatgag tttaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaaga 420
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480
25 agaaagacgg gagcaaaagg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540
aatccaacag cagttctcag acctcaagag gaagtgggca gaagtcacag aagaagagtg 600
gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaacc cacgctatga 660
gaagctgacc cctgttccctg acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtgg 780
30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtggag 840
ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900
gtgtctgact ccgtgagtgg acagaccgtc gttgacccca aaggctacct gacggattta 960
aattccatga tcccagacac cgaggagagc atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc1020
ctcaagtctg ttcgggagac gaacctcat caccgccag cctggattgc atcagcccgc1080
35 ctggaagaag tcaactggaa gctacaagta gctcggaaac ttatcatgaa ggggacggag1140
atgtgcccc aagagtgaaga tgtctggctg gaagcagcca ggttgcagcc tggggacaca1200
gccaaggccg tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc1260
agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaagaagc gggttcttcg gaaagccctc1320
gagcatgttc caaactcgtt tcgcttgtgg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaal380
40 gatgctagaa tcatgctgag ccgagctgtg gagtgtgtgc ccaccagcgt ggagctctgg1440
cttgctctgg caaggctgga gacctatgaa aatgcccgc aaggtcttgaa caaggcgcg1500
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat1560
gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgt gcgggccaac1620
45 ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtctgg1680
agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgcgt gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa1740
gatcggaaagc atacctggat ggaggatgct gacagtgtgt tagcccacaa tgccctggag1800
tgtgcacgag ccactctacg ctacgccttg cagggtgttc ccagcaagaa gagtgtgtgg1860
ctgcgcgccg cgtacttcga gaagaacat ggcactcggg agtccctgga agcactcctg1920
cagagggctg tggccactg ccccaaagca gaggtgtgtt ggctcatggg cgccaagtcc1980
50 aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc2040
aaccccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag2100
tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt2160
tcatgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt2220
gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggact tccccaagct gtggatgatg aaggggcaga2280
55 tcgaggagca gaaggagat atggagaagg cgcggaagc ctataaccag ggggtgaaga2340
agtgtcccca ctccacaccc ctgtggcttt tgctctctcg gctggaggag aagattgggc2400
agcttactcg agcacgggcc attttgaaa agtctcgtct gaagaaccca aagaacctg2460
ggctgtggtt ggagtccgtg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgaaata2520
cactcatggc caaggcgctg caggagtgcc ccaactccg tatcctgtgg tctgaggcca2580

```

```

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640
agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700
ccaaggccag ggagtggttc caccgcactg tgaagattga ctcgacactg ggggatgcct2760
5 gggccttctt ctacaagtct gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820
ggaagcgctg tgagagtga gagcctcggc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880
acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940
agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttgggccgc3000
atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060
aaaaaaaaa aaagaaaaaa gggggcgccc gggggc
3096

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

```

35 gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagccacag 60
agaccggccc gcgcgcgcga cccacacccc acccactcgt ccacctaccc actccccgcg 120
ccgcctcctc ccaccctgag cagagccacc gaggatgata aacaccagg acagtagtat 180
tttgccgttg agtaagtgtc cccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240
gtggtgctcc tgatgcccct caccactgtt cgaagatccc cggtgggcga gggggcggca 300
40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360
tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420
aggtctcttc ttgggatgca gtccctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480
gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540
agatgaaagt gaactatgtc ttcatctgct tcaggaaggg ccgagaagac agagctccac 600
45 tctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat ccctgtgtcc 660
cctctcgccc agatgtgatg ttcatggttt atcccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720
actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gagccacagt gggggaagag ggaagttag 780
gcagccctgg acagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacac gaggggctca 840
50 ggggtgagggt tgctatttgt gttctcggag ttgactcggt gaaattgttt tccataaaga 900
acagtataaa catattatc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960
ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020
attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggcctggagg gctggtgggc1080
agcactgtca ggctcagggt tccctgctgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140
gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggctcct gagtataggc ttttcagtccl1200
55 ctgggcagtg tcttgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260
gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tgttattctg1320
gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

```

```

tgaattttac tcccaccacc agggcttttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440
ccaaactcta attaatcttc aaatcactgc caggagtctc tgctcctggc tgcaggccca1500
ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaal560
ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620
5  gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680
   agggcctagg gtagcgctgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttactgtt ttcactaaac1740
   agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800
   gtcagggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaaa1860
   aaaagaaagg ggggggggtgg aggggagggg gggggaaaag aaaaaa 1906

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctcct agcccttctg ttcttccttg 60
gccaaagctgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120
ctttcccagg tgttgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggctg ggctccagct180
ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcaccggct240
ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttccc300
40  tggacagagt ggaacgttgg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattgget cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgtctcccc gggctcggagc ccccgaggagc tgcgcgcggg ctgacagcgc 180
15 ctgccccgcg ctgtctctcc ggtgtcccg cttctccgcg cccagccgcc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctogaactcc 300
ggcgcgctcg cccttccccg gctccgctcc ctctgcccc tcgggggtcgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccctggctcg ctgtgtgtgc tcttctctgc ctgcactgc tgctgggct 420
cggcgcgcg gctcttctc tttggccagc ccgacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
20 gcccattccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccattgaagga ggtgtgtgag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatt aagcagtgcc acccgagac caagaagttc ctgtgtctgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcagg 720
gaaggaccgc tgcgccccgg tcatgtccgc cttcggcttc ccctggcccc acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt ttccccccag acaacgacct ttgcatcccc ctgctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtta aaatgatttt gcaactgaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat 1020
ttacaagctg aacgggtgtg ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgtgtg ggctcaaaga 1080
30 cagcttgtag tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg 1140
acagaaacag ggtggggagc tggtgatcac ctgggtgaag cgggtggcaga aggggcagag 1200
agagttcaag gcgcatctcc cagcgcacgg ctgaccttt ctgctccggg atctcagctc 1320
tggtctcgac aggcctgtct cagagcacgg ctgaccttt tgggcagctt cccctgcct 1380
35 ccttccccca agcactctcc tagctgtctc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct 1380
tttgacggtt tgcattcccc gattttcttg agttataagg ccacaggagt ggatagctgt 1440
tttcacctaa aggaaaagcc caccgaatc ttgtagaat attcaaacta ataaaatcat 1500
gaatattttt atgaagttta aaaatagctc acttttaaagc tagttttgaa taggtgcaac 1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgttgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc 1620
40 actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt 1680
cacaaccctt gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg 1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa 1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaacct 1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga 1920
gtactttaag cctgttttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta 1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc 2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgtat ataaacttta catcctgttt 2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcccggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtggc 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgtgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgcgcacatg gagctgttcc tcgcgggccc ccgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaagg tataggggcg ggacacgtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgc ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccctgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggacgcgtgg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcttgaggg tcaccaagga ggccctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccaggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac aggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgc gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa ccccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttggcaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccgggtga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctaccccc aatccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g                                     1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

5  atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
   tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
   ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtgg tttctgggaa180
   ccaccaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
   ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300
   tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360
10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttagggtcc aggaacttcc420
   tgagaacacc cgatcgcaga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480
   gtatggccac cctgctccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
   tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600
   ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657
15

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

20  (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

25  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellt partielle cDNA

```

```

    (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

30  (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

(vi) HERKUNFT:

```

    (A) ORGANISMUS: MENSCH
    (C) ORGAN:

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```

    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

40  gcggtcggtg gtgcggcgct gtttaaagat ggcgggcgag gaacctcagc agcagaagca 60
   ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120
   ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aaccctctgg tgtcagagcg180
   gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240
   gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300
45  tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctgggatgaca gcaaggagtt360
   gcagcgggtc aaggctgtgt ctgccaagag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420
   tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480
   gcagacctct gtgcggcacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540
   tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600
50  gcacttcate gagggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660
   gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgttgccc caggccctca gcgtgtccat720
   ccagggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780
   gggcttccga gcccaaggtc ttacctgtt ttaacoggct tggggcaatt taggtattgc840
   tttttacaaa taggggtttg gtt
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgtcaccc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggacccatc 240
cgcaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaac 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcatc ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttcctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaaagt gaagggcccc tgtccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccgc ctgctgactg cccagaact catcctggac cagtggttcc agctcagcag 120
ctctggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcatg aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcctcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccct atgtcaaact 420
aaagttaggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgctg 480
20 gaatgaggtt tttgaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgacctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgctggagc gtctcaccac ccgtccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgtgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccct gtctgggatg agagtgcctc ctttctcacc aggaaccac aactgagag 960
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgcccct1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtgg1080
30 tcaggggcag gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcactg ctgagtgaag aaccagagct1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca1260
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcat gggtgccggt cccttcgaca1380
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg1440
aggcaccaag aggaggacct cacagaagaa gaggacctg agtctgaat ttaatgaacg1500
gtttgagtgga gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa1560
gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct1620
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagtcac agcctgactg ctctgtcttc ctgccttcgt1740
ctcgctccat caccgctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaag gcagagcctg1800
tgcccttcag ccctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctga ccaaagagaa1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctgg ggccgggacc1920
45 tgagctggct gtttctctg ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg1980
gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tggatttagc ttatgcaaaa2040
tacagctttg gaaggatctt ttttcttta actagatggt caccttcttc cctaccacac2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtcctcactg tcctcaacct2220
50 tgcctctgaa attctactg tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg2280
aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagcttg gagctcctag2340
ctggtgatac ggagagggtc ttggaggcat tgggacagca gggccaattt ttttcctcaa2400
gtgcctagga tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgacca2460
actctgcaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaa aaaaataaaa2520
ataaaaaaaa aa
2532

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggctc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtggggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tggctctcgaa240
25 ctcttgccct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagtga ataaattaga360
tttgccatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttgg420
aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaaagaa tggccaaacc540
30 ctcaacaacc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggctcgact tccgttactt gctgcgagg accgtgggca gccagggctg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaacccaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagttaa gcgctgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcgggggagc aggggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttcctg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggcca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggtg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgaggccct ggtgaacagt ctgtgtgctg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggagggt agggaagagg gggggcgc
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgattc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccagggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac gggtggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagtctctga atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggttg 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat1200
atacaataaa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcgggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctctctggggc ccggcgggctg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtgc agagctgtgg 360
    gtctgggtcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggcc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  cctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact ccaggcagtg gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcac cacggggcag 780
    ggaaagaaag actggtccct ctcccgatg ttctcccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcacacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagaggtgc accaccccc gaccactaca tatcaggacg tcctcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtggaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc ctctctgcat1080
    gccagcggt acgtgagtg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacacccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctgggtatctg1200
35  cggctgttac atccactacc agcctgccca ggaccggctg caacccacc tcctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a
                                     1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

5      gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
      ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
      tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10     gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
      aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
      agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag360
      ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
      tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcgggggat480
15     ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
      ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagg gcagtagtcc600
      gacacgtcgg gggactcaac ttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
      attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttcctcgg atctca 716

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

45     tttgttggtg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
      gagtcctgga gctgtgagga gattcggggc gtcacctgct ctccctcgcg tcccgccacc 120
      ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
      agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaaact 240
      ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
      caagcaagta gcggaggcat atgaagtgct gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50     caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggaggt ggaagtcat ttgacagtcc 420
      atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
      aagggaccca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
      aaggggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggctg tttttctctg cgttcagtgg 600
      atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttggtgc 660
55     actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
      caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```

gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960
 ctgctgctg agacacgcgc ctcaactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc 1020
 5 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca 1080
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc 1140
 attgattaga ccggattttt 1160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccggtg 120
 35 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctccctcatga gagggtagac 180
 caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240
 cctcctggag ctcagttggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctaggcatc 300
 ttcattccca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420
 40 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480
 cgccaaaaag agaggactgt gcactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540
 tgatcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600
 atagtgaagt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attaccctaa ccatattgca 660
 ctttttagttc cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840
 cttgggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900
 attcatacac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttctc ctccatgcct 960
 50 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg 1020
 gggccggccg gtgggtggtc 1040

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20  cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggcccgc gggacccagc ccccgctccat 60
    ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
    cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
    gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag caggtccccg caggccgggc actagcacc 240
    ctcccagcag ccccgctgcg acctgcgggc cctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25  ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaact ttacctggcc cccctcacca 360
    cgtgtgggaa cctgcccctc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
    gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
    aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
    tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30  tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
    ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
    tgaagatccg cacaggcgct caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccgagc 780
    tgccgggactg gggcggtgga ctcgtcacgg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
    caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgtagcg ccctgctcaa 900
35  gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
    cctggacatc ctgcccggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca 1020
    gggcgtaggag aagaccgggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga 1080
    tcccgtaggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcggccgc cctactacct 1140
    gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat 1200
40  cagcgagatg ctccctgggc cagtgcctcc cacctgcctt tcttgccgaa gcacaaggcc 1260
    aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata 1320
    aattttattc ttttaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```
ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggg ccttcacag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcgcc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcaogtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcacg tgccctgctga gccactacaa gctgtctgca cggctccttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtcctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctcgcccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgcccc gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720
ggagccccc a cctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```
50 gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccattccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttgggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctt tccatcaggc attaaatgaa tgggtctcttg 300
```

```

gccacccag cctgggaaga acattttctt gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgccctc caccttggtg gatgcaagggt 540
5 ctatctctcc catcagggtc gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaattattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccagagt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggtcct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagccgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccoca tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aatacccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgctttaal440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaagggt ctctcagggt1500
gtagtggtgt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccagggtg gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gcccactgta gtttgacagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctccctgat agggaaatcct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggcccatgt gctcaagggt1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaal920
ccctcagctt atgtagctag aaagggccct ggagtgaaga agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaagtc tcttccctga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgatcctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgccttttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcattgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tctgtcctc agggaaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagt2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaataatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtt gccggccatg t 2681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

5
 10
 15
 20
 25
 30
 1407

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc ccagagtgat ctcagccccc acgtccccac ccatccccgg 120
ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac ccgggcccga cgctgccac ttgtgtcac tgtgccgtg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccacccca 300
gaggctggta caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgcccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccc gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggg ggctctgcgt gctcgtcccc 720
aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgccctga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagcccctt cctgcctgtc tcgggaccct gggaccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
attgcccaga aatcagcccc agccccgtg agcccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcgccag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttgtgtt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaal320
taccagagac cccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc cgcggcggc cgcgttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgcc acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcgcc gaggcttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaaggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggccctctca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttcgccgtct 780
ccactgtgcc agtctcgggt cctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 gcaactgtgt ggagggcagc agcagcgtg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgacct tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgccct ggtgtgcccc ctttccctct gcaccgtgga ggtggggatc1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttggtg ctcagcacac1140
20 gccccacag ctgagggcct ggccctgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggctcggtg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctggtgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgccttag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
tgggtgtctg gacgaccctg aaactgtatc aaagtgttac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttgg tgtgacaagg300
catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctcccttgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

catccattta gcttcaggtt gtcttggttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840
 ttacattttt aaaa 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcggtatgg 120
 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggtcatagtg gtttgggctt 180
 35 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcacaa gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg gggttggtta ttgctatcag cgaagaagat 600
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840
 aagaacagct cccagtcctc gatgggtcca cagtcctggc cccagaacc ggagtcctac 900
 cgaaatacaa gcagatcac aacaccagca atttttgctt ctgacctgc aacctgcccc 960
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020
 agcatcggtg ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agaggtgaat1140
 50 gaaggagcag catgtaaaga tgggaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gaggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320
 ggtaaaaagaa acgatactgg agtatattgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgtttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgttttttcaa aggcagccca ggggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tctttttttca1620
 cgttttttccc actttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 852 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaattttcc gttaggtgct gaaggctgtg gcgcgcgggt gtccccattc ccacgtgaag 60
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120
 agcggggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180
 gcgcctcgga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaattctg ctccatctct aacgaagtgc240
 cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcatcgaga300
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540
 cgcctgccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600
 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgatctag ttccattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660
 40 ccctgcacaa ggctacagc ccctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720
 gttccacacc cattttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780
 tgaaggggat gggcaggag gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1739 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccggg gcctggcgac ggcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttacaggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaag gcgatggaga agagctcgct cacgcagcac 180
   tcgtggcagt ccctgaagga ccgtacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgcgggt gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcgaggag 300
   gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga ttgacctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
   catataacta tgtgtgatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcttaaaaa atagtgtgga gctggaggct acttccgcct tcttagcgct tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccatttg gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcattggt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgt aggtgagggt 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagtctct gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
   aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
   attgttggaa tggaaaccctt gctatagtag tgacaaagtg aaaggaaatt taggaggcat1200
   aggcatttc aggcagcata agtaatctcc tgtccttttg cagaagctcc tttagattgg1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
   cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgaagt ctgatttcta gactgctttg1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggtaaatgtg1560
40 ttattttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggtattg1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

10 ataggcgcac cccaagggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
   accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
   ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
   gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
15 gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
   taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
   ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcaactacct tctttaaaag 420
   aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
   tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
20 gtgacttcac ctgagaacat ccagcgggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
   aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
   ttaaaactca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc 720
   tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

50 tgaaaaagac ccaacgccaa cacctggtgc cttttgcagc cagcgcccac ccatccgtgc 60
   cgggacctt gggaatgcc gcggtccag aggaaaaagc ccagggacgg ggcctccgtt 120
   gcggggggtc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
   tgtaaagcac tgaagcccc cggcgcgcaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
   cacagcagcc ttaccaccag ctctacgtgt ccggggcaact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
55 tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tgttggtttg aaaaggtgat gtgtggggag 360

```

```

tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttggg gggacaatct 480
ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctccattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
tggccccggc ggatgaagcg gcttccccgc agggccccc cttcccagtg gctgcttcct 600
5 ggggacccag ggcaccccgg caccttcagg cacgctcctc agctggtcac ctccccgctt 660
tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag cctgccagga gccacagagc cgggctcccc 720
taggctgcgt cgggcatgct tggaaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
gtcagccgcc ggcctcgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10 ctggagatga ccccagagccc ctccccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctggtgctc 1020
gtccacgcag gtgtgtggtg taaacatgta tgtgctgtac agagagagcg gtgtggagag 1080
agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt 1140
15 ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
tttaagatgc tttggagcag acagcttttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320
gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatga 1440
attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 tgaggctcttc catgactgca agtggtatat tggactggat ggatcatgaag tccctttcat 60
agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180
ctagtctccc agctagtgtt aggcaaaact ggattcccac tctggtattc tttcttccct 240
ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
50 tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata tttagagcat taactcccta 480
attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
55 gcttcataag aactgagggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

tttcttgccct cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatgggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctctttggct cccccggagg 900
gagcaagaat ctcatagtcc agagacacag agggcctttt agccctaattg accttttgga 960
tgggactgca actcatgact atcctgatat tgggaagaaa gactttgtta atcttctccc1020
5 ccatagctct gctgcgtagg totacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
tcttccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcac ataatcccgt tccttgccg1200
gttgaggcag ctcaagtggct gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat
1347

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
gccttcctct ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgtc tttgacatcg 120
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
gtcccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgctg agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtgcagg aaataccaga 360
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
cgagatcat ggccgcgctg gagccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600
acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
ggcggggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgcc ttgacctctg 720
ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagctct tgggatggag gccagagagc 780
tggtcaggct ccccatctg ccagacagc cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcattca ggcgccaag cacaactgg 900
gggagaggag gccgccaagc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaatgtt1020
atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
gatttttgtt gcttgggcgg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tgggggtgctc1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggagggg tggggggcac aggagctggg1200
agccccgtct ccaggaaaag gagaggggtt aagatgcacc gaggtgtgag ctgggctact1260
tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380
 ggggtcccga gaggtccccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500
 ctctgtggcc gatgggccat gcggggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560
 5 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc tttataataa1620
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680
 ggg 1683

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60
 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120
 35 tccaggcttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180
 gactgggatc ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagttag cgcctgtgtg tggggcaccg gcggcgagac 300
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ttccgtggcc tcgcccaggc 420
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480
 caaggacaca tctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540
 gcgccaagac ccagcacacc ccatgtgtgt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600
 gatattgggac ctgcaggggt ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagaac tgcggaatga 660
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720
 45 gaagcttgte acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catccccc 780
 gcgcccggca gtccctagaga ccacctatgg agagtaccca ctaacagcca tgaccctcac 840
 tccgggaggg aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggtggcga ggcagtgtgc gtgggttgca 960
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccca1140
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcaccccttg aggcagctgc1200
 caagcgggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaaact1320
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25  ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatactgt tctagaacac catctctagg 360
30  aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgttctcc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
    catgcagagg aattttttcca cttaagtcag agccttctct cccatctgga attcacagct 600
    gttccctggc agcacacagg aggggtattaa ggaccttctg gaggctaggt acactgtcca 660
35  cacctctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtcct ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgccttttt gataatagtt gttcagtgaa ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccc gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggc cggctctcct gctgacccta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgcc a tttcctttcc tctcagtc aatacaggct gcacattttg tcaactaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggag1080
    aagacactga gaagccagt atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg1140
    atatttcagc tgttggttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
    tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgacca1260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtagc ctcagtgagg cccttctggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctct agcaaatact tctttctcct tgcttgccct1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaggat gcagtgcccc aacttgact1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta aatttttttct1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaatc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
25 ctctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgctcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
gaggggggtt ttggtgctac agccctctcc ccacccctaa agggacgccg acgctgtttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaa acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
agttaaggcg gccgaaagtt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
35 gccttcggtt ttaagaacgt                                     740

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctcgttcagc gcttttagga gggcggtcca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcggtggag ctgctgctgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagtccct 120
ggcgcacgcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctcacctccg gctcccagc tgttagagtt caccgacct ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggtg gcgcaggagc aggggtggtg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttccac cggcgcttgc gggctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgcaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcaggg 540
tctccggggc gccctcctgg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaggcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccgggtgga gttctgcagt cagggtgtcc gtgagggcct 780
20 catcgtgggc ttcgtccact ctatgtgcc aacggtcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac caactgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg1020
gcggctgctg acccactacg tgaagggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgcaa1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag caggggccgt acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacaccaal320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga1380
30 gttcaacaag gtgtcgggtg tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (vi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcgggtgtg gaggggccag tggggccttg 60
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga 120
 gaatcctcca gcatggaatc ctctcatga gaggggtacac agccggacta caacgatgag 180
 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta 240
 5 agatcgaggg 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcgggcg gcgcgggaggt tgggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgaccta gacttctcac ctccggaggt 120
 gcccagagccc actttccttg agaacctgct acggtagcga ctcttctctg gagccatctt 180
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgt acccatctcc aagtcaccac aggcggagggc 240
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360
 gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420
 cccgcattcc aggtcaggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480
 acagtcgtaa cagtcaccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540
 40 tctgtgacgg tttagagtc aaggggctga aacacactgt gagcatagag tgtattaggt 600
 ttgttcagaa gccgggtcag ctccacagagt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtcatgtt ctaatgctga 720
 caagcacacc ctctccatt atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcaccttg 780
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctgctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgctt tctgctccat cagggtgcagg 960
 ggatttggtc gaaggcgtgc atatttctct ggacacaaact tcctgagcct ctgaaatggg 1020
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aaggtgtgcc 1080
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgaal 1140
 50 gggttcctgg ggggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa 1200
 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 cccctttttttt ttcttttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60
 ttcttttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120
 ttgggtgtgg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180
 tcctgacatg tgaaaccaat acaccaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240
 25 ttaaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300
 gatttcactt agaaatggtc actttctgag atgctttttc ctcacagaat ctgtagataa 360
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420
 ttttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540
 30 ctctgcagct ccagtggtgc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
 ctcttcggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgttttga 780
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccact ctggtctgag ggtatacagg 840
 35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaatgtgc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
 ataagggcac ctttaagccc gggtaagctg gtccatggga acctatcggt tttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10  caccaaatta atcagggttta cagacagggg cccaccggta ttcacattct tgtagtgat 60
    cagatgggtc agaatttttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatgtt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacgggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggttttga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgtgg 600
    ggccagcagt gaatctgtat gcggaaggtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtggtca 660
20  ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg ttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tgggtgagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
    tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25  tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat 1020
    cctattaaac attttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtgga cccaagtagg 1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttgata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct 1140
    tggattatgg aacaagggtg aatttttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55  ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgccctggga 60
    ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggeccgggc cgccctctct cggagttggc 120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agagggtgat cgcatggtct 180

```

```

ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggt ccagaaacga gaggccttgg300
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg          353

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggcgc gctggcgtgc cgctggcgcc 60
caggagttag ggatgtccta caaacccatg cgcccctggc tgcccagcag cacccttgg120
tctgccaggc accccttggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180
tgcgcgtgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 211 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tggtttctatt gttaaacaac acacaactat 60
 tttatttatg tggtttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggtt 60
 tgtgcaagtc aggccttctt ggaacacagc agggcctaca acgaggggccc tttgcatgg120
 gctgtgagga tgggggtggt ggggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtggtgag tggcgagctg gggcgagctg240
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaatgctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480
 gggctcctca tatgcggtgc cgcctcaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540
 ttttactcat tggaaatgtt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660
 45 catcttcagg cctgaagctg cagcactga agttcgctg catttatcag ccctctttgt720
 gctgctcctt gccaccttgg gggtcctgct ggggacctg tgtggttgtg gcatgtgtga780
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840
 gagttgccag gttttgccat cattaaa 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

WO 99/55858

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

```

aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtgggtt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgacct ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240
tatgaagagt aataatt                                     257

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

```

gactggetca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca                                     204

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 245 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```

ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
cccatattccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgtttgtg tgtgatctgt180
ggctcttgat cagaatgaag ttaaattggcc acaggaggat taagctatga gggtggcatt240
tttca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atccccctctg gagggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
   catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagttg gggttgaatt taggggcca 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctgg 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg ggagctcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt ctagaggttc agaataattag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaat 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tctgctgct gtgaagatga 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgct 1320
25 ctgggtccct ttagtcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccaggga 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcct 1560
   cctcttgcc cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatct 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

55

```

aaaagcatag ctactctgt aataggctat ttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

```
tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggtt180
ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240
gagtttaatc ttttgtgatg                                     260
```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 957 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

```
ggggaatttg tctttggaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaacttagg 60
aaacttacct catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaatgctg gcttactgta120
tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatcc180
ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240
tttacttggg taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300
tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagacccaaa360
35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420
ggtacgaacc agggcagtg gcatctgag ggatgtccgt cgcttggtag tggccatgtc480
tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540
actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgcccctt catttgcata taattccaac600
agaacctttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaaataat660
40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720
tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagagggtga780
ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840
tgacatcata cccagtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900
tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 760 Basenpaare

50 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15  gtggaataca atagatatta atttgtggtt ggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
    ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
    aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180
    tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
    cctacaaaaa ctgaaacat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20  ttacaattta atggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa at tctttttaat360
    gactatattt cttcaaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
    gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
    acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
    aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25  ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
    tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720
    aataaaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
ctcctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag                280

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 461 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```

gcggccgctc gaggggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
cacaagaagc cttatccctac gtccttctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180
tctccagaga thtagctatt atgcgcccgt ctacaggggg tgcccgcgca tgacggtgcc240
ttcgcagtc aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgctc cattgccccg300
gcgtggcagg ccattccaag cccttcggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360
35 tatcgtagc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g                461

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
   tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
   aaatgtaaaa gtattttttc cttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
   caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240
   tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
   caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
   ccagtttggg caaaaaa                                     436

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```

45 ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
   gtataaatgg tatacaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgatc aggtgacgta120
   tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
   ttagggagggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
   gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa          287

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
ggcgacgcct cggctactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgcgatcc120
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccoga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgacgccttg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccggcc300
tgcagtgggt gatcccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taaccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
gaccctcggg cctggggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcccgc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgca gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctgcggtg ctgtt 555
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120
```

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagtg ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagAAC tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcgtt 480
tattggatag cttggaacca cctggagAAC caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttcagggcca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggTca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagttagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgctttttct ggctcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt acactgccca aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tctgtcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtaccatgac ccctcctcca agtgggccta 1260
20 atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggcta taccacaact ggacctggtt 1320
atcgataagg aggtcctct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aattttaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaaa gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
25 actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggctcga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccgga ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccctttcccc acgccacccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggctggaag ccatggctcc gaagtgtagg gcaagggtgc ctgaggacct 240

```

```

    tttggtcttc agcctccctc agccccagc atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
    cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
    ggaccttgag ctgcacaaaag tcagcaggga ccaactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
    ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5   gatggggcgg ggtgtgtctt gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
    gggatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttctcagaa cccacagtga gaggggagg 600
    ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttggaatg aaattcctcc tccccccat 660
    ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggtaagag 720
    gttggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
10  aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
    ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
    acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtccca gggctgcaa actggaagca 960
    cagcctcggg gatggggagg gaaagacggt gctatatcca gttcctgctc tctgctcatg1020
    ggtggctgtg acaacctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc cacctctgg1080
15  gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctctgtccc1140
    ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaa1200
    tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgcctcg1260
    aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc1320
    tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggag atttgggggc1380
20  tcggggaggc agagaatctc ttgggagctt tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctct1440
    tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggta gggacacatc cccttagagg1500
    acctgagttt gggagagtgg tgagtgaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
    ctacagctta ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
    tccctctact cttcctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag1680
25  gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca1740
    aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
    cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
    tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca1920
    gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
30  cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
    gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa2100
    acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgat2160
    gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttatat ggggttgttg tctcattttg2220
    gtctgttttg gtccctccc tcgtgggctt gtgctcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35  ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
    tgggggggta aaataaa

```

2357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
 ccaggtcctt cttcctgggt actcataacg cggccccatt tctcactccc attgggcgtc 120
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc 240
 ctccctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc 300
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggccc cccgggtggg gcgcaggact 360
 10 cagggagccg cgcccgagg aggtctggc gggctcagc ccctcctcg cccaggctc 420
 ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcggg agccccgcta 480
 catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcgcgat 540
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgt 660
 15 ccgccgctac aaccagagcg aggtgtgta gtgaaccgg ccggggggcg aggtcacgag 720
 cccccccat ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780
 ccgagggagg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc 840
 attttcagtt taggccaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg 900
 cggggtt 907

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgta agcagatgaa 60
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccgg cggttgtcta 120
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgtc atccggaggc tctgggctga 300
 50 ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
 ctactagctg aaggacctga agcgtattac acagaatgac tacatcccca cacagcaaga 420

```

aacaaatattg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gaatttgtac cccccaaccc1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg ttcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agtccccct gtccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccoccttc tgggcatctg ttctggttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgcccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg ccagtcctcc caacccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcaca1440
gaagcgtgag acgccaccat tcttggaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaag gaaaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaactattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc ccccagccc cccttccaag1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgctgt ttacaccgt cctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggt gtccagaca1740
actgccaacg tctagaggg ccctgcccc gcgccctgg cccagggctc tattaacct1800
aaatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgccgctgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcggc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggg gccgaggctc atgcccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctggaaggcc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tcctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```



```

5  ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaaggacc aaaagtgaaa gggagccttg 720
   gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
   aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
   tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
   gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
   ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaa1020
   tcaaaggagg tgcggatgtt tcagggggtg tcagtgcctc agacatcagc cttggtgaag1080
   ggcatttgag tgttaaaggt tccgggggtg agtggaaagg accccaagtc tcctctgctc1140
   tcaacttggg cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
10  gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctcctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
   aaggtcactt ggaaagtggg tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
   ttaccttctc tggccgtgag ctgggttgga gagaaatggg ggtgatgtt cacttccctal380
   aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtcal440
   aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaaag1500
15  gtggtgtcac tggctcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagtt1560
   caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
   gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgatg1680
   aaagagagtt ctctggacct tccaccccgga cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
   tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
20  gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcatt atgagggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
   gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tcctcctctt1920
   ctagcaatga cagtgggaat aaggttggca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
   ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgttc2040
   ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgcc2100
25  tggcccggtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctcttgaac tatacagata2160
   ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
   ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
   ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaacccac2340
   tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
30  cagacggagg tcaggtcttc ctcttctctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgccc2460
   acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagtg2520
   ttgtttcttt caccagggg tgggtggtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
   ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
   gtgttttgta agggaaactgt ttccttcatg ccgccatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35  ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
   gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
   aaaaaaaaaa aaggaggagg gggggggggg gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
   agggaggagg agggggggcg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

5
gcctcccgcg ccgcgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
gccaactagt cagcctgcgc ctggcgccct ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10 ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcattgatga acgatgagga agcttcgggc 300
gctgacacct cgggcgtcct ggaccggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
cctttcggct gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgtc ccgacctggg tctgaagtct 420
gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcccctcg cctgggtgaac 540
15 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgccc aacc taccagctc cctgggtggag 660
ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aagg gagtgttcag tgggctccgg 720
aacatgaact gcacgcagat gggcggg aac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcattctcag aggcc aagct gactggcatc 840
20 cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
atcgaactgg aggacctgtc tcgtactctc aaagctgtaca ggctgggcct aggccacaac 960
cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtccc cagacctcaa gctcctccag1080
gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25 ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcattcagcc tcttcaacaa ccccgctgcc1200
tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtgg gggctctctgg1320
ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcgatgcc ccatcaccgc1440
30 ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggcccccatc acatgttccc1500
ttggcctcag agctgcccc gctctcccac cagagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtc1620
tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtgct1680
cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35 cctccccgac tctgcgggtc ccctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
accctgtctc cactggccct tcgaccagtc ctcccttctg ttctctcttt ccccgctcct1860
cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgct1920
tcctcagacc tttctcgtt ctgagcttg tgccctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
gcttcgctg tccctttcac tccacacct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40 tctgtctgtc cggcctgcac ccagccccct cccacaaac ccagggaca gcgtctccc2100
cagcctgccc tgctcaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttggagg2160
tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggt2220
ttcctagaag cccctcacc ccactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
45 ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
ccgtgcaacg tgaaaaaaaa aaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctactctcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttgga 120
cagttggggc cagggtctcc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtag ttctactccc gaaggattga catcaccctg tgcagtcga agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctcctc ccccaggacc cctcggtcca gatgcccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgcccctg tggagaagct ctgcctacag ttcttgccct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtccccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgggtaca aaggcctgaa cctcacccag gatacctaca agcccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tccctggagt cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacggggggc tttggtcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actacccta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccattccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgtccttc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaal 1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctcctc cttcccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5  cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
   taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
   catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
   gactcccatc gtcttgcaat cggctctcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
   tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
   cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa agggctcccg aaggagaagg cacaggaccg360
10 gctgaagggc ggccggcgcc ggccgagccg agggctcccg gccaaagccg tcgtgagtga420
   cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
   agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
   cttagcagta acgggtagca gcagatgtag tttcagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
   aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctggttgtga ctggccctgt660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
   cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccggt gctggcagta ctgttgccgc780
   gcagtttggg gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
   ctgtatttta ttggacaggt cagactgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
   tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
20 cgaga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45  ctgcgcgccc acacagggag cagcagagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
   ggattttctc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
   agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
   taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
   tgaggcaaaa attaaggcac tttggaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
   acaggaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
   tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc 480
   attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
   taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactctcagt 660
   tgccaacaat aggctttttt tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atgggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttggaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaatgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcggt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatgggt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatag aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagagggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgcg agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
20 gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccttt1860
tttaaattaa ggatcccaac agtgggtatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtagat atgaatgcca ctgatggtag ccttaaattt tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagttgcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgtc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
30 caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcacccgaa cttgtactaa2460
atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagggt atgtttcatt agtgcatttc ttcctgctga tcaactgtaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
35 tcatttggtc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgaat gtccagtggt2760
gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaaagaa tccccctccc2880
ccttccccc aaaggatactg cagttatatc acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttataca caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a 3101

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

5
 10
 15
 20
 25
 cgggccccgag cggcggtcca gactggggag ggaacgcgac cggccaggag gcttcaagag 60
 gagggcacta gggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120
 cggcgggggc ggacgggcgg caccaggacc cagggggaacc gcgacgggcg ggcggcgagc180
 agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggttc ccgccggcg gcgatcaagaa300
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggcg gcggtgcctg tcatcatctc360
 ccgggcgctc gagctcttcc tagagtcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420
 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccc caggggccgga agccaggcag cggcggcgg600
 aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaacccccca720
 ccccaggcca gccacccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780
 gcctctactc tgccctttgcc ccagcgcccc ccggggccct cagcacctga tgaagaggac840
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagccctt tttagttggt900
 tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaaa960
 aataaaaggg aaaaaaaaaa aaa 983

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

45
 50
 FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFULLPEVMGS 60
 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120
 TRVQTCQNKQ QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSP CPQASPDIEL PSLPLMSALM180
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120
PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFTTLA60
TAFSSGVFGV MRALISGRIG SSMSGGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

LHQLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60
 NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIE STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYV120
 5 GWKAFGRKKG SSRLKG 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60
 IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENCPTTTV FVGNISEKAS120
 DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGKKLLV180
 KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240
 30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSLVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAEETVLPS 60
 50 RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15 NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60
GNSFLDLQDP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
25 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTLL120
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180
GFSHAFIFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300
I IKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 50 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60
SSTDMPSEQIS VVNVDQLWED SVLTVKFPEL MVPFRSFPAP SSDDVFIPT VREVQCPEAN120
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNPLEAPP ISKVRVHIQ AOVESQEVTI180
HSIVTPEFVD LSVPRFTSTQ IVRESEIPTS EIQTSPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQQT TFEVPSGHQL300
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSDV360
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420
40 ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTGLD SRVMVTSAR TELILPEQDR480
KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

SLPASMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120
SDFPN 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120
ACMGASSVPS 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLLFSA 60
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPLDN TTLPIRQTAS120
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFEWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

IIDIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLLGK VGRKLPDHIL 60
RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFFQFLA YLLYSLFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60
PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

-NALWGPGAPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60
LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120
DRGIGQDP 128

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60
ORLG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGQ HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLSR RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQODLHCHG 60
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120
VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMI LMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSKTRLLL60
LKLLNPLINV GKHCL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60
VTGHIYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWNNGT LPQWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240
LNWFRLYKVP DGKPNQFAF NGEFKNKAFA LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120
QQRAGHVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60
TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120
PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180
VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240
WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300
GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360
PCPQDGGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420
YEQSCGGVEP SLTPES 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60
PGLPGEGLSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120
VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSERQRCF QAHAHGSPQR LPGAVDDAAV180
 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60
 QKLLQRRRKQ AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLQED300
 SSPLLRALC IGGMVSVKEQ ETIRHGVHMM VATPGRLMDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360
 RMIDMGFEVD IRTIFSIFKG QRQTLIFSAT MPKKIQNFAG SALVKPVTIN VGRAGAASLD420
 VIQVEYVKE EAKMVYLLC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480
 QEERTKAIEA FREGKDVLD ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIENYV HRIGRTGRSG540
 NTGIATTFIN KACDESVM LD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600
 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15 KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120
PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180
EGVLRDQLAL RALEEALQEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60
SSWHSSLKSK SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120
LVERLWPVAG GWKVLCLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180
KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFCVCST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180
KALALLQRLR QGSQGQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCP 229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGS 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TPTPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAEAQ60
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

25

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCRTL VLELEGPILP60
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPFRITLFLR60
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAFC AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120
GFFAFSKDAL PGPQLQTAVL SKQVRSLGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60
RPDLPSGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120
RERPGSRPQL 130

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF**(iii) HYPOTHETISCH: ja**

15

(vi) HERKUNFT:**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHMP 60
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

- (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF**(iii) HYPOTHETISCH: ja**

35

(vi) HERKUNFT:**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60
FQHVGTTHSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLFPDN PQSDKEALQE180
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240
KAD 243

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

50

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60
NIKALFPTTEI HSGLLLEVISP SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120
SKGIYYVQLE DDIIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180
20 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTFRWLA240
RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLP PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGBA120
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180
45 GLPCVGDSEK DLPEKGRLLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60
CWVHPEWHGE QLWPFVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120
QRP GAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKROASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDK PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120
KKKK 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60
SLLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQGKQGLSL QDTPQSCGRL120
QEPSCGENLI KALLKMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25

30

RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLP SAYQP120
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180
TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTTSRS PVSPA HQISV PAATQPAALP240
TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGSPK LALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360
EPMPPRGSLT GVQTCRTSV 379

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

40

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

45

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGRL WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60
LWREWGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGGLSSP LPPSFPK 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCCLRP180
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

25

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40

SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

45

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

ATRRRAAEAG MAAVLQVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVTGTP RRILIDTGEP 60
AIPEYISCLK QALTEFNAT QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120
EEIIGNGEQQ YVYLKGDGVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240
NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPQPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60
SHYNFLDCCV KFS 73

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVFAAPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60
GSGQARFSVL LLHGIRFESSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDLFL240
QGLQ 244

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120
LPVPEKAFPL LKFKH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60
AQAHLLVLRP QIKPSPHHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

WO 99/55858

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAQQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQAL PRQRVASPPP RRLGLTSPP VRLGQVVPGL60
MPGVVSAAGT QVRLDEVPA SLRLQHHLQL REGL 94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSPRRGGGLA60
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPESLCGDM KLLTHNLLSS 60
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDP A 60
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180
40 PEKGRPPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180
PHKLSPPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120
HTLTAEFALG RVKK 134

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF**(iii) HYPOTHETISCH: ja**

15

(vi) HERKUNFT:**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTRDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja**(vi) HERKUNFT:****(A) ORGANISMUS: MENSCH**

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPRV CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60
LRQHQPFGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

```
QDGCPSDGD F AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

```
FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHFGQ GQOPAAGGLV GDADRAGDLE 60
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

30

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120
AAIWTGAVAV LAGAAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180
NSACRISSSS DWNTPAPTQS PEEVRRHLHC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPRGHQQPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60
GHLITVGCSS CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSIL GIWHEWEIAN120
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVVDL PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

KVTDGHTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120
TPRLGAPGPW TPLPTLP SHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180
LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120
VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGAQRVWVS SLAGWRLER TARARSPLTL60
PLPVGGTTTS CLRPVASRP 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60
PPAESPRSNR SRASPAIA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRV RILKTTQQKV KKWKIV

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

VMSPADKAA RADSAARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQT60
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60
RNC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

(A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

```
GRDKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQLKF LCERNDKVFF ASVRSGGSSQ240
VFMTLNRNC IMNW 254
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

(A) LÄNGE: 231 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

```
GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHSRHLPLPL 60
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVFSGIHA PTIMVQGLPV P 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

(A) LÄNGE: 454 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
INTACNELGQ TWMESGVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
QOEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
20 AYTIKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60
LLRQRYGFSS SRLQFPFVSM PSSGCRDSP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120
HSSQHQGPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLHVH CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60
VPSAWHIVGL H 71

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

15

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRCGPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVERFSL S NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60
QTNIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLS D GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVL R KKYQIYFJNI ATIAVFYALP120
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180
EINHNRRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSFM240
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGN TAF WIVFSIIHII300
ATLLLLSTQLY YMGRWKLD SG IFRRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRS GER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFF DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60
 DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120
 RPLFPPIPL QGLVWGLNLC PVSQPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180
 WC 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10 (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60
 VIQCQQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGA E SLEEEEREAL20
 PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180
 30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240
 DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300
 VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQCAHGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360
 DEQEKQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420
 EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480
 35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40 (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60
 NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120
 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180
 GSKNPQKYSD KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240
 AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300
 PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQUESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAA QPKSLSPQS360
 10 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420
 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSGD SDR LHMSLQQ480
 GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540
 MSSADVEVAR F 551

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

30 AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60
 PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120
 35 PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGILTIVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRRAPH180
 CRASA 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLLEA AGRLGGEGPG GGAVIGGWDG 60
 QVVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAIVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLSV VPAIAGLRHQ120
 QGNEVTLLLEA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGGLSLAV SPRAVVLAIR ACDAVHDGCA LLGRHPPHER240
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360
 VLQLLVRVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLILD L PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

- 15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAE EEA V120
 YEPEPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- 40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60
 AGNLSCWLL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTCSSTR LTRCLQAPVC120
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60
 STMASFLKGA HVTINARAEE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120
 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

- (A) LÄNGE: 597 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGE TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGGRD240
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLMWV300
 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIIPRLI420
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
 SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

45

50

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20 DQHSCKFMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

- 25 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVKV RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQWGEYLG PRWLGWDLR120
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITCL CWVMPMLRT 60
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

```

10 EKEKPKEEEW EKPKDAAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIIISLC KRYPGFMRVA 60
    LSEPQPERRF FRRGWVTFDR SVNIKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
    QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180
    EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240
    NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFECKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
    DPEQEVEKVV TSNTQELGKD KWLCPGSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
15 NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYQGP RPPILGYGAG420
    AVRPVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDLDPD480
    DVDFD                                         485

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

35

```

    ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRH KDTSSGDHLT 60
    CRLDPQAKDL KDGTQEEATK RQEAPVDPRP EGDPORTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSSRAE120
    VPTKPLPPA RTQGTVPVHLN YRQKGVIDVF LHAWGKYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFG180
    GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
40 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSKV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
    LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360
    LLSYLFER                                         368

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60
LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHNPV HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120
VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFP AE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60
MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVWGGL120
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGLKPQFWG WM 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLKAKO LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120
GKQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGSSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPGLHLEQTA60
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLF FIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

FKGKTCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

RPPQRTLRLHS AOLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQHIIHQH120
WQQLLP 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60
LGKLQTMLSR KGKKQOKDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKQ ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35

KAGIEGHRGS CLPERRAQGT WHRPCDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGGLGLAAP120
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRRKRQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

30

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

SAHQQLQHCY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

NSRAIEYLNQ QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDEVMD180
HFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFS IKFYFCPLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60
HWMFFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTTRLAVR HVWPPCDRPL 60
RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120
PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180
AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLPHPCS VHFFYLHKHT HSTSK 235

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHPDCEVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60
EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD120
TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAASQG GGTASANEVL240
GVPGAAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

(A) LÄNGE: 272 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240
RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRRLTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120
PSEEKKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCSYW240
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35 AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYLNLV 60
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSM SH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQLSDNNCR120
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60
SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSCKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60
MVGSEVYSTE IKKTEVLNEN FRAIGLRIK ETKEVYEYEV TELTPCETEN PMGGYGKTIS120
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMQQLMK PKKTEITDKL240
RGEINKVVNK YIDQGI AELV PGVLFVDEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20 VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLOQAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120
LVHHLINLPS KFCDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120
KDSKSKKTAK PKVEMYSGL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASF KKTVAQKKAE KKERERKKRD120
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVSKS VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180
AEDDNEGDKK NER 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQSL 60
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLLPAGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCFA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120
EGAALRRGRS RLQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPLH180
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVVF L ARGPSGLLLY NGOKTDGKGD 60
FVSLALRRDR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGA LR VGDGPRVLGE120
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLRQVD180
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAA Y VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGH LQ300
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLD TDG360

ALWLGGGLPEL PVGPALPKAY GTGFVGCLRD VVVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60
 IGPGGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120
 PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPDGARV IQEPGLLPGG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180
 VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240
 K 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGEMPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60
 AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGV LQSCQ YQWPTQ AHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

5 KNLSQLPREP NAKEEVKRG GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60
RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEGL180
LEVVAHQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPQDQGP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

50 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEPGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLR120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGL180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TC LHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180
30 AAQGEFVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

35

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGS180
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILOKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGECSYYLT300
TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360
A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLGVLQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60
GGLARHHLQA VHLVVLHQA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120
AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENG 60
VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120
VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP PEPKVFNGGL GREASSVSA QPLLSPQAGL180
GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120
RDPGTHFS LI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180
KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKT DHNE 60
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHOK AVVCLAFNDS VLG 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60
LAMVVVFSMD RGPETRARG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180
SPEGSQASPA HCH 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHPA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180
 GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240
 TSACMILTSS C 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

10 DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

30 MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRLGAA60
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

50 CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20

PYVHSPA WGLVGR LSV HTDIPATERT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFQYIL 60
ETTPGLIFLR TQHSLCHFSV RKPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40

NLHSNIKVEF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGKNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
 QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
 QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180
 QGRQETLFRG IRSMPSHPDG AYNCSYAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240
 FVKL 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60
 CSGRLCQGYG SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA POLNQRATES120
 AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180
 LRKEK 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRLGGT 60
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60
PAEHRLLKTC WSCRVLSSGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDSL VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

- 30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60
GQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

- 50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60
QEACCDPLCS MPDQAASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFVGRQHM120
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60
DIHDNVV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPEMKTKQN R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60
TLRGKRDPAV VLQFRISWWG DDRGWLRLWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPCLKHR RRVPFATQGN120
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKFWGSDS GALS RPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIS EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120
STG 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYP60
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60
VEQMCKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDL L L L L ARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

- 10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGGEF EDSVFEERPE RRS GPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60
VLTLLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120
LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNLKTI FC LQKLISLHPF NPWNWGKLA E180
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

- 35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVP LSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKD LIVLSLE60
VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPTDEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTPPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHTHK60
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60
LTVSTSLSPR SEMRADDKfV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180
20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSGL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLV LTSPSVFLNT 60
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFSVSKTQ60
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEFK NNVLSQLAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVP60
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

35 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50 LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20 PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40 LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFVSENKNLP IENTTDCLST MASVCRMVLE240
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVIIILYDH VHPVGAFAKT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300
EGLLNALRYT TKHLNDETTT KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60
 ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60
 AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45

TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60
 HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEE LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40

WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AOGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEEEEELRAE LTKVEEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWEWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180
ALSTVGSAIS RKLGDNRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPLELSTV PLLGCQDLAQ 60
SDNFLFHLGK LSPPELLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTFVR RIQVDILAGG120
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

40 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120
 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQOS 60
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120
 ASLLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180
 TPQYLGGTAM VLLHVKRGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEVVD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DIRMFEFENK360
 EDLSGTQAGL NVIKEAEAHC GGQPRS 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180
 AA 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120
 IMKGTEMCPI SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180
 VLRKALEHVP NSVRLWKAAY ELEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

```
TPGRWGHCPRL LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQGDAP CCRHIPCQPL 60
GLGAHEPQHL CFGAVGHSPL QECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
VGPRQGDGSV DDLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLAIG FIGLQPCQSK240
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
DVNPDRWLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

```
PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQF QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
EQKPQGCQGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLLL LDLPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDDSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLG420
TCRA 424
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVWQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVEFLSLLP VTPGAPEYRL 60
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

VSVPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGE GH QEHRGPGTM CLQHWSWGHL LNGKILLSWV 60
FIILGGS AQG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC L SER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35

PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60
RCPASPRPSR RLPAPFRGPES HPAKRAAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240
VMSAFGFPPW DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360
EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

VISFTFIFSA KSFLOQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60
VCVDLGWDEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPDLLV NNAAVALLQP180
FLEVTKEAFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHSVYCS240
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHSHPH ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMLRSLSR 60
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120
LVMSRAPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHA E PYLV 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60
SYTTPSPISC 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLCKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSLH EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35

RWRRRNLSR SRSRWAATPK VLTVPMMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPGLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRLCLP120
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHLHLDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60
 LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120
 LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180
 10 RPLGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60
 30 PVTQGPSVIT TTSMTVGPI RRRYS DKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120
 QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180
 VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNTPL240
 GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300
 35 NHSPDFDHDR DYEDPEVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 40 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60
RHPRLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF**(iii) HYPOTHETISCH: ja**

15

(vi) HERKUNFT:**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60
SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja**(vi) HERKUNFT:****(A) ORGANISMUS: MENSCH**

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTGLALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60
SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFEVIVTS VPGQELEV180
FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEE240
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360
50 QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APQLRQLTH420
VDSPLAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480
GTRRTSQQK RTLSPFNER FEWEPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSWT 539

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60
SGPLGRGPEL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

10

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

30

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGLRTISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMP NL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

40 ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 A QSIAGGFSG K AANLEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180
LAQLSLSRLS PEHRRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

25 VIRVVSSQPR SESQGDPAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFD GSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDSCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

```

FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60
IEISEYRTQL YEYLQNRMMMA IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120
EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEYH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300
SEEEPCSTTA IASPEKKKKK KKKRENED 328

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

```

YNRNSFLLIL VLSLFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120
FCFC 124

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60
STLTILAFLL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

- (A) LÄNGE: 427 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120
VWFQDTVTDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180
AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCNRARCT240
ISWELRQTLV VVFDAFITGQ GKDWLSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPE NEAPPVPFLH360
AQRVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420
ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSS PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTL KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120
LMPWERSECE PMAPSL LGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHDTCPS VKLSPTTCRT TAYKWITHVPQ RAQIIPSRSP 60
KNPCRLPFFK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

(A) LÄNGE: 317 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

```

NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPEEF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFEFDPF120
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300
RIERRWQEEE AEAERGV                                     317
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

```

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120
FSL                                     123
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGP GCPRSVL LALLLRETVR 60
RVSQQRGRPG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRI PYDDYP VVFLPAYENP PAWI PPHERV HHPDYNNELT 60
QFLPRITLTK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120
EQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNV HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60
RWKIPKILFA TDFYN 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLLO CDGSGQKLGO LIVVVRVVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDNSV WEPEADA 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120
TGVTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVVEKT180
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240
GPVPPTSPSC RSTRPRTTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

(A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240
HLRMPTAPCR LVSPGS 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

NLLYSRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60
AQVVGRPLVD PLWEPLQOPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTSLHGA VGILK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240
GAPTLPGLD LQSGSPRGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARFISRH SQRRREDAL SSEGCLWPSE180
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240
EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNGDW120
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSL S MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60
TQEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHKGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60
GNPEPQNVIP PGSAWPDPVL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSVV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120
LPH 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGK AGLEPSQSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60
SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTPPT EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300
SNF 303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

APRRPRPRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60
PQPQTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQDR GRETQRCERE SETETERERE120
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

(A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSFCQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180
SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCLNLP 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

(A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPPDDAA ADCLFLRPGL240
PGVPPFLHR GGGDLPNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60
QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWSH GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPFHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVV SGHPHSCRAV120
ISAGAPPPED RVGGEGSPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60
FLK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

DGSRMLCHYI QKQDNLKLNG CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60
VVLFFLQTID IYS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

(A) LÄNGE: 318 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA T DGR LKVG DQ ILAVDDEIVV 60
GYPIEFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120
ESIRNTRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI I IHE180
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240
EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGRLMQ GDQILMVNGE300
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOKNET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180
HSGASQGGRG VVVLSSAKKI HVSSESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60
SLPQQPASRP F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVY ERRLIEKYIA ENGTDPINNQ 60
PLSEEQLIDI KVAHPIRKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGC RP CAGLFYCFLF LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20 FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60
LVQGFFIVFF F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

45 EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE E DPEAADSGEP QNKRTPDLP E120
EEYVKEEIQE NEEAVKMLV EATREFEEV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180
DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDG YV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPAPPA60
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60
LHDIRQTPV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSR SGRQAQTLQI120
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

AASGMLGSWP ARTFHGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWPCPR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

TQNTGNRSFAF PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISS ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120
QGAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60
VLRDQNSHQ N RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IIFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALGLGGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45 SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120
LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

- 50 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

```
TSMEALLFRL FKLPAATTLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHHMCGF WDSQSLA 157
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40

```
RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180
EPVFRAKNVR NDWDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRVPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS -P 401
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

15 SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180
ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

20

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSQKCLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60
RVSKETGLGS Q 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTV FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60
ASWRVRRHLV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSL PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

```

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFGLCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYPFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLS ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480
SVCGLRRTFLA LCGLQQG
497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

```

CGSGWSWPHW PATRPGQGGP SQPREVLPAV GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
35 ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR
153

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

YDQALHLHV V GQQPPRRFP G LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60
EQQEQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD TAEALTPEVG LVGEGHLFGG120
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60
RNSPQAPAGQ STTSSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120
ASWDLGMGTM MASTQMSWKM APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60
 FSFCFKITNQ VRSP TSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120
 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSPP 60
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGV LG ARAALSRWQ EARLQGV RFL SSREVD RMVS 60
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60
GWLRRGSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50 SPISITETQQ FSNNLIHTIT CLLRMALYLF SL 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

ITLQPI SQNM FLLL NNTQLF YLCVLFMPDH QYQ

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

SFYFGW SHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARST KRADKCRRTS 60
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60
SSHHPPHPSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TfvAPPFIDP SAFKKLECEN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVRFWIDWP WVLT

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60
FTEAMSQ

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFNFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20 GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

40 DVLDSLNDWG ESSMTGTRGE FSCLEFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- 50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLESLCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180
LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EFPPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240
THHYHQTLLO LPPAMVEEGE EVQNOQETEL TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60
LFYHSRW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRI LQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIK FHA LVTKYFYS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLPLHP TRSLILRPSL H LSDPSFH HY LQRCSYYAPV YRGCPMTVP 60
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHGGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPP LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60
WAK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTFTFSSSPE AQTLLYLTTT QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHG GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGERAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHEKSQLPTR AKVLLDLFHP FSTSLSTLA APSP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

```

5  GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
   GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
   GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
   TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
   ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
   GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
   CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
   GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
10 ACCTTCTGCG AGGATTTCOA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
   ATAGACCACT CAGCTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
   CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
   GTCATCCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGCCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
   CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
   ACCCGAGCCC TGCGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGCA 900
   CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
   CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020
   AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCCTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG 1080
20 GGGTGCCCCG AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC 1140
   CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCCTACG 1200
   GCCTCACCCG CACCCCTTCA GAGCCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260
   ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGGAACCAGA GAGGGTCCCA GGCGCCCGAG 1320
   GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCCC 1380
25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCGG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA 1440
   CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500
   ACAAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA 1560
   CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC 1620
   TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

```

AAACCCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGG GAGATGGAGT 180

```

AATTTTGTCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACGCG 240
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGTGCTCT 420
 5 GCTCCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 GCCAGGCGCC CGCCAACCTG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GGCGGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
 15 AGAACTGGGT GTCCAACCTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
 TGTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
 TCATTTAACT CAAAACGGAA ACACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800
 CCCTATGCCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
 AGGTACCCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
 GCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
 TCAAGAAAA TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
 AAAGCAGTTT CTTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
 35 TGTAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGCGGCTGGT2280
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
 CCTTTTTCTA GGAACGTCA GAAATCCTCA TGCCCTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCCTG CTCTTCCCTG GGGTTTTCTT2460
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGTAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640
 GTGCCCTCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCACCCT CTCACCTCTA CCCCACCCCG2700
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CTTTGACCCG CCTCTAGAT3000
 CATTGTCCCT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
 GGAAGTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
 50 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA3180
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCCCTT3240
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

```

CGCGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTGT CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CCACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCCCCGCGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCCGC CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480
TCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATT CACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TCGCTCTGGA720
GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACCT GTGTTGTTG C GCGCCGGCCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60
 GGCATTCTTG TGGACCCCTT NTAGTTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGGCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCCTCTCTC 300
 CGTNGCCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCCT 420
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
 CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGTGT 660
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGT 720
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
 AGGCAGCCCA AGGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
 TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTGT 1020
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCCTCCCG 1080
 GTCCCGGGCC TGGCCAGCC AGCCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140
 GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCCAGA GCAGCCGGCA 1260
 25 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGTCTGGGAC CAAAAAGGGG GAATATGGGA 1380
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCCT GGCTGACATT 1500
 CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA 1560
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG 1620
 GTGCCCCGCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680
 CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG 1740
 TGCTGTCTCG GGA CTCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800
 CCAAGGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAA CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860
 35 TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC 1980
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCACAGCC 2040
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160
 40 TGGTAGTGAA TGGGCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGCCCACCC ACCCATCTCA 2220
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAG CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT TTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460
 45 CTCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA 2520
 TCCAGGAAGT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA 2580
 TGGCTGTATG TACTGTCGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700
 CTGTGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA 2760

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15  GCGCGGGGCCG  CGAGAGCAGT  AGGTGTTAGC  AGCTTGGTCG  CGACAGGGGC  GCTAGGTAGA  60
    GCGCCGGGAC  CTGTGACAGG  GCTGGTAGCA  GCGCAGAGGA  AAGGCGGCTT  TTAGCCAGGT  120
    ATTTTCAGTGT  CTGTAGACAA  GATGGAATCA  TCTCCATTTA  ATAGACGGCA  ATGGACCTCA  180
    CTATCATTGA  GGGTAACAGC  CAAAGAACTT  TCTCTTGTCA  ACAAGAACAA  GTCATCGGCT  240
    ATTGTGGAAG  TATTCTCCAA  GTACCAGAAA  GCAGCTGAAG  AAACAAACAT  GGAGAAGAAG  300
20  AGAAGTAACA  CCGAAAATCT  CTCCCAGCAC  TTTAGAAAGG  GGACCCTGAC  TGTGTTAAAG  360
    AAGAAGTGGG  AGAACCCAGG  GCTGGGAGCA  GAGTCTCACA  CAGACTCTCT  ACGGAACAGC  420
    AGCACTGAGA  TTAGGCACAG  AGCAGACCAT  CCTCCTGCTG  AAGTGACAAG  CCACGCTGCT  480
    TCTGGAGCCA  AAGCTGACCA  AGAAGAACAA  ATCCACCCCA  GATCTAGACT  CAGGTCACCT  540
    CCTGAAGCCC  TCGTTCAGGG  TCGATATCCC  CACATCAAGG  ACGGTGAGGA  TCTTAAAGAC  600
25  CACTCAACAG  AAAGTAAAAA  AATGGAAAAT  TGTCTAGGAG  AATCCAGGCA  TGAAGTAGAA  660
    AAATCAGAAA  TCAGTGAAAA  CACAGATGCT  TCGGGCAAAA  TAGAGAAATA  TAATGTTCCG  720
    CTGAACAGGC  TTAAGATGAT  GTTTGAGAAA  GGTGAACCAA  CTCAAACTAA  GATTCTCCGG  780
    GCCCAAAGCC  GAAGTGCAAG  TGGAAGGAAG  ATCTCTGAAA  ACAGCTATTC  TCTAGATGAC  840
    CTGGAAATAG  GCCCAGGTCA  GTTGTCTCAT  TCTACATTTG  ACTCGGAGAA  AAATGAGAGT  900
30  AGACGAAATC  TGGAACCTCC  ACGCCTCTCA  GAAACCTCTA  TAAAGGATCG  AATGGCCAAG  960
    TACCAGGCAG  CTGTGTCCAA  ACAAAGCAGC  TCACCGACTA  TACCAATGAG  CTGAAGCCAG  1020
    G                                                    1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

5  GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
   GAAAAAATTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
   AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
   TCTCTTCATG AAAGTGTTCT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAG TGGTGATCAA 240
   GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
   CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
   AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
   ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540
   CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
   CTTCTCAGAT ACGTTCAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
   GGTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCCCTCC AGACAGTTTC GGGAAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
   GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
   TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
   CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
   AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCCCT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
   AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
   GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
   TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT1260
   GCACCAAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTTTC1380
   CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCCC1440
   TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA1500
   CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
   CGTCAAAGGC TGGATTCCCTG GCAATGAAGA AAACAAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
   AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
   ATTTGGAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
   TGACTACTTG GGTTCCTTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCTTG CAAAATCACC1860
   AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
   AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
   GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCCAAGCT2100
   GGAATTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTAT GCAAGACCAT2160
   GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTTCATCAT GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
   TGTAAAGCCA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTC AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
   AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCCAG2400
   TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGAAA2460
   GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
   CATCTTTTTA TATGTGTCTT CGGTTCTAGA CTTCAGCTTT TGGAAATTGC TAAATAGAAT2640
   TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTCATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
   TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCCTA TTTATGCCCA CAACCATTCG2760
   TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTTCACCT TTAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
   GGGGTGTGG

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTTG TGGTGAACAT TGCCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTTGTAACA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCGGAT GGTGAGTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTTCAG1980
50 GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAAAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCCCT GGGCCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACCTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAAGTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAAAGAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCACACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```


CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCTCTG2820
5 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880
CTTCCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
ACACCACTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GCGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060
TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120
10 AAGGCCCTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGGCAT CTCCTGTCCT3240
GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360
TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420
15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAAACAAAG AAGTGTTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540
ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
25 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

CTCCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
 CCCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAAGTTCGAA CCTGAAAACA1080
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCCTC TTAGAGGAGG1260
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCTG GCACGGATGG CCGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
 GGCCCAACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740
 15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
 CTTTTTCTGC TTCCCTTGGG AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTTGGCCTC CCTTCCCTTT2280
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400
 GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTTCG GGTCAGCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCGACACAC2580
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
 CCCTTCCCCC CAGAG 2775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTG TG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTTGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAATA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGCTG AGAGATGGAA GCGGTGGTGG GATTTGCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCAC TAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCCAG1140
 CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
 GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCTTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
 AAGCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTCGC TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
 TGCTCGGCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
 TGCTTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780
 CCNTNCCCCT NGCCNGGCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCGCCTTGA 840
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCTT 1020
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCTGGGG1200
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAAGC CGTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGTGCACCA AAGCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380
 AGGCTCCCTT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGACCCAA1440
 GCCTCTTGGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGTCTCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560
 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAACT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180
 CACACTACTG CCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360
 CCACTTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTTT 420
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAAT 480
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAAATTGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAA CAATGTCCTG 840
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGGCTC 900
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCTT1020
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGTT TAAAGCCAGC AGCCCCTAAA GCACGTCCCA1080
 GCCTTGTCTC CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGGCA1140
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTTG CCTCTGACTC1260
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560
 TTTTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTTT TAAAACAGTG 60
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180
 35 CGGAGGAGAA CTTCATTTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240
 CCGGCATTCT GCTTTCGGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCCT 480
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNGGG CGGGTACGTG 540
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGAGTNC CATGGACCNA 600
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCTTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTTNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACTTGATC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCTNTC TGGCTANTGG AGTGTTTGTG 900
 GCCTTCACAG ATTTTCACAGG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA A 1001

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```
GGTGTGGAAA  CTA CTGCAAA  TAGTAGCACT  TCA CTGAGAT  CTACA ACTCT  TGAAAAAGAA  60
GTT CCTGTCA  TCTTCATCCA  CCCTTTAAAC  ACTGGATTAT  TCCGGATAAA  AATTC AAGGA  120
GCCACTGGAA  AATTTAATAT  GGTCATCCCT  CTTGTGGATG  GGATGATTGT  CAGCAGGCGA  180
GCTCTTGGCT  TTCTGGTGAG  GCAGACTGTA  ATTAACATTT  GTAGAAGAAA  GAGACTGGAA  240
AGTGACTCCT  ACAGTCCCCC  CATGTCCGCC  GGA AACAGAA  AATCACCGAC  ATTGTCAACA  300
AGTACCGGAA  CAAGCAGCTG  GAGCCAGAGT  TTTATACTTC  ACTTTTCCAG  GAGGTTGGAC  360
TCAAGAACTG  CAGTTCTTAG  ACCACTGAAT  TTCTAAGACT  GTTGA ACTCC  AGTTTGGGAA  420
CTATAACACA  GCAGAACAGT  TTGATAGGTG  ATCACTGTAA  AAATAAAAAC  AAATCACTCC  480
CAAGAGCTTA  CTGTTTAATC  ACCAGAATAG  AAGAAACACA  TTATAACCCA  TTTGATAGAA  540
GACTTTGGGC  TATCTAGTGA  AATGGGCTCC  CAGACACAAT  CATACTCCTG  CTGATAATGA  600
TGATATACAT  TTTAGCCATA  AACTTTCTTT  TAAAAGTGAC  AATTTTAGTT  AAACATAAGC  660
CTTTTGAGGA  GAAAGGCTTT  TATGCATCTC  AGTTAAACAC  GTGCATTGGT  AGTATCAACA  720
AATTTGCAAT  ATAGAAGTTG  AAGATAGTTT  TTTNCCTCAC  TTTT TAGGAG  GCTGTATTCA  780
AAATTA AAAT  CTCAG AATCT  TACAGGACAT  TTAAAGGACT  CATGTTGATA  GCATGGAGGA  840
GAAGGAAAGA  AGTCACAGCC  TTCTACTCAG  TTGTAGGTCT  TCTTGTCATC  CAGCTGTCAC  900
ACTGACAAAA  AGAAAAGATG  ATANCATGTT  TTTT TGCTCA  GATAAGAAGC  CTGACATTAA  960
AAGATGTCAT  ATTTTTTTCT  CCACATTTCA  AAAAGTTGTC  CTTCTCATCA  CTGCACAGAT  1020
35 CTGTCTGAAA  GCCTCAGTTT  CTGAGTGACC  CAGGAACAGA  TCAGAAATGG  AGCATGGCCT  1080
TGTCCTTTAA  TGGGGATGCA  AATAAAGTTT  GTGGGGTTAA  AAGTTATAAG  ACAGCAGTGA  1140
TACCCCACTC  TCTCCATTAT  TGTCCAGCGG  GGTGACATAA  TGACAGGTTA  AATATTTGTG  1200
ATTCA TTGAT  TAAATATTAT  TTAAAGAAAT  GTAAAA AAAA  AAAAAAGGTT  GAAAATTATT  1260
TGGTTTCATC  CATTGTCTCT  TATTT CAGGA  CCAAGCAGCA  AACTGCAGTA  GTTTGTGAAG  1320
40 GATTCTAATA  TGGGGTTCAG  GAATAGCCTC  TCAACGCTAC  TAATTCAGAT  CTCTCC CAGA  1380
GAACTACTGG  ATTT CCTCAT  AATTGACAAA  CATGAGTGAC  CACCTCTTTG  GGTGGCTACT  1440
GTTAGAAATG  GCTGTTGTCA  TGTTTTCTGG  ACTTTGCCAG  CCAACAGATC  CCTGCCAGGT  1500
TTTGGAATA  CTTCTATTAC  CTCGCTGCTA  CTTTTCTGCA  GGGATAAAAC  TTTTGNAGGT  1560
GGCCAGACCC  AGAACATCCA  AGGATTCCTG  TTACAGTGCT  ACAGTATACA  CTGCTCATTT  1620
45 ATCCTATTCT  CATGTGCTTT  CTTCTTTAGT  AAGATTATTT  TAAGAAAATA  AGTGATATTT  1680
AAAGTCCAAA  GAGGAATGAT  CACAGTTGTA  TAAGGGGTGT  TTTCCCACTT  GAACCTGAT  1740
GTCAGTCGAC  TGTGGGTCAG  AGCTACAACC  ATCTGTTTGG  TTTGATGTTT  TGGTGGTTTA  1800
CTTACGGAGT  GGGGATAGTG  TGAGACCTAA  TTCCCTGTGC  AAATGTCTCT  TATTCCAGAA  1860
ATGTGCATTT  TGTCATCTAT  AAGCAAGAAA  TATGGGCATA  GCAGCTCTTG  GTTTAAANGT  1920
50 TTGCCATAAC  CTGTT CATGT  TTGTTTTAAG  CTCAGGTAAA  GATAACCTCC  NTCTTTCTAT  1980
GACTCCAGTT  TCCATT CAGG  TTATAGTATT  ATTCAATAGT  TGATTTTCTT  TTTAAGCTNG  2040
GGCAATAAAT  TGATGTTTCC  AGATGGTAAC  ATGGGANGAG  GGCATATAGG  ATAAAGATNG  2100
AGCAAATCT  ACCCTAAAA  TGNTTCTAGT  AGTTACACAG  AAGAAGATGA  GGTTAATAA  2160
CTTTCAAGGT  AATTC TAGAT  TGACTTTTNN  GAGGGGAAAA  TGGGCTCTTG  TTCTAGTTGA  2220
55 AGTGAGCAGA  GAANGGCTAT  NAAATTAATA  TGTAANCTTA  CAGCATTCCA  GAGGTTAAAA  2280
ATAACTGATG  CAGATGTACT  TCTTCAGTGT  GATTCTTCAG  ATCAA ACTTT  TACTTTTGGC  2340
ATAGTTAATT  TCAGAAAAAT  GTGCTGTATG  TGTGTGTGTA  TGAGGGTTGG  TCTTGCTGAT  2400
CCTTCAGTTA  GCTCTAAAT  CTGGCAACTC  CTTGTAAATC  CCATGTATTT  GATACCATGA  2460
ACCAATCATG  TTGAATGCGT  TTGGTGATCT  GGGGAGCCTC  CCCC GTCTTC  CCAGG  2515
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 818 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

```

TTTTTTTTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTTTCCTCC CTTCTCAGCT 60
GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300
TTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTTC420
CAGGAACTTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480
GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660
TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCAATTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
ACCCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
TGCCGCGGCG GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

```

10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
   GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
   GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
   CTGGAGCTCT CGGTCCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
   TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
   CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
   GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
   CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
20 GTGGTCTACC TCGCGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
   CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
   TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
   CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
   GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCTT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
   ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
   CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1020
   AAAA 1024

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

```

55 GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
   ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
   TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTTCGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA ACACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTT TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCTGT CCTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA 1322

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

```

45 GCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAAA GATGAGTTT GATCATCTTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCCCTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCGTCA GCGGGATCTC TGAAGTCCTC 1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCCTG AGGTTTAATG GGGCACCCAC 1080
 AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA 1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT 1380
 TCAGCCAAAC CCCCCACCT CTGGGATCAT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC 1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAGA 1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTTCTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC 1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA CTTGGGCTTT 1980
 GTTTTTTCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTT ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC 2100
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAAAGGGT CTTGGTTAAG 2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAAGAGAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400
 TCAGTGCAC TGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATGATC 2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580
 TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACTTAGN AGACTCAAGA 2640
 TATTTTTTTT GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760
 CCTGTCAGCT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAATC 2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTGT TTAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCTT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGTG 2940
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTCAGAAC CTNNGGAGAT CAGAAGTAT 3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG 3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC 3120
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN 3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNNGANNGA GGTNAAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACC 3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC CTAGNCTTAT TAGCNCNTAG AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT 3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCCTTCC TGCTTTTAGT AGGGACCTGC TCTGTGCTCA 3660
 50 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAGAGGT CCTGTCCTCA 3720
 GGGAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCCTCC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG CGGGANCACG NTGGGCTGCT TAAGTGTGT ATAGGACAAG 3900
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTC CGACAGCAGG 4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG AACTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN 4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG 4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260
 TGTGTCTATG GGGTTCTGTC TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT 4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380
 CTCGGAACCT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAAATAA 4440
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```
25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCTGCCCC 60
   AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
   ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
   GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
   TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
   CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCCTG TTCTGTTTCA AATTCGCCCC CAAGATCAAA 420
   TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
   AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
   TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGGA AAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
   GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGG GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720
   CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGCTGTGT GCCCTCATTG GGTTTAATTA 780
   CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
   TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTAAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTTCTC CTCACTCTGT GCACTTTGCT 960
   GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
   GGTAACATAT GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
   AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
   GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGACTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
   AGCATTTCTG TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
   TTTTTTTAAG TGCGGTAGTT TTAAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380
   TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCCTC TGTACTTAAA1440
   CACGATTTCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1560
   AA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GGCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
 TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCACGATGC 540
 30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTCACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCCGAG AAGCTCTGGC 600
 TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660
 TGTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720
 TATTCAGAAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780
 GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTCC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960
 TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020
 TCACCCTTCC CAGGACCTGG TGTTTTCTGC TTCCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC 1080
 GGTCCCCAAT GCCTCTTG TG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCCT 1140
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCTC GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200
 CTCTGACATC CAGACAGGCG GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260
 TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CTTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440
 45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500
 GATAACAAC TTTGAGGTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620
 GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860
 TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920
 AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTCACCCCT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980
 CTCCCTTCTC GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGCACT 2040
 55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100
 GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160
 CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGAGGTCAA GGGGAGGGAG 2220
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

```

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180
30 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGCGCTC CTTTCAGACC240
GCTGTTTAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
AGAGATCCCG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
TGTTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780
TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
40 GTCCTGAGCC ATAGTGA CTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900
TTAATAAAAG ATGATTTGGA GTTGTGCTCT C
931

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

(A) LÄNGE: 447 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
 CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
 LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
 10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
 LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
 LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
 GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WGPAGGSPA 60
 TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
 35 HYPPTDGTGA GAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPIEHPG180
 LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

40 (A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFffVG 60
 AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
 LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEGK RGMELSDLIV180
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240
 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
 QRWFFLPRAA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
 TDDQIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHVVGDSAA VLLGFEGHND 60
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120
 EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
 FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

(A) LÄNGE: 255 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60
 LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120
 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFT 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRRATH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
AQTPLRGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLGGQRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELISLVNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGY180
KLKIYNCELE NVAEFGGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPFVGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYG TFTRDEKVGE TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFEANKIL420
HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYVLRVVIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEGNFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPKE DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFP120
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
10 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVMNRH TRKYWCRQGA120
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDDSNSNK KNADLQVLKP300
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLLEEPG480
NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540
PCHFPCKFSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
WYWCGVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDKEP AVLVTVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120
LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQGA180
AAILGPPFET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSGA AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWVEG 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

40 KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

15

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLG HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLGE GLLEVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SSDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

40

GRLPGYPPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRTGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAUVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120
10 LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180
ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

30 PVTPRDXPGA GGGSXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWXLN APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60
LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHFQASV FSAPPCPRFR120
ASVHREHHHH GQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

50 ISRNEGVLRV GPKSPRSLR SHSEPPALVL WRDHRLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQOEH 60
TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120
VREKEKGGRK GFSRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

WGXRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPIA DGHRLXLLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
XKXPPXEXCL LSXXPPXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35

DHLQPOKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

LTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPSL PHTPTTPTAP LTPVTQGSPV ITTSMHTVG180
PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
WETRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEPN420
EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHNHQHAHG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVFLLE AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKEFQVLKS LGKIAMGSDS QSVSSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYPGPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180
NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
QDVGTKTTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNPDYNFFNN300
5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSCHFVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVVWVCRPRP IFLRMIKTHL 60
CWFMVTCAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFP SLWCWLCGLC GTEFCPLARCT LGRGGCGCSA120
RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

45 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60
EVPVNFAEFS KKCSEWKT M SGKEKSKFDE MAKADKVRD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120
PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEMWN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180
50 YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240
RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIFRFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSV FHPQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYLLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKÇWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120
VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

5 RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQORDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60
PGPSQRPVGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
PLQEPRSGPP GGSTKDTFPQ QELAARSP 148

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

10

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

20

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

25

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

30

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

35

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

40

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

45

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszelle gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 verwendet wird.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

5

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.

15

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

20

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.

25

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.

35

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

40

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.

45

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

50

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

5

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

10

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.

15

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

20

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

25

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

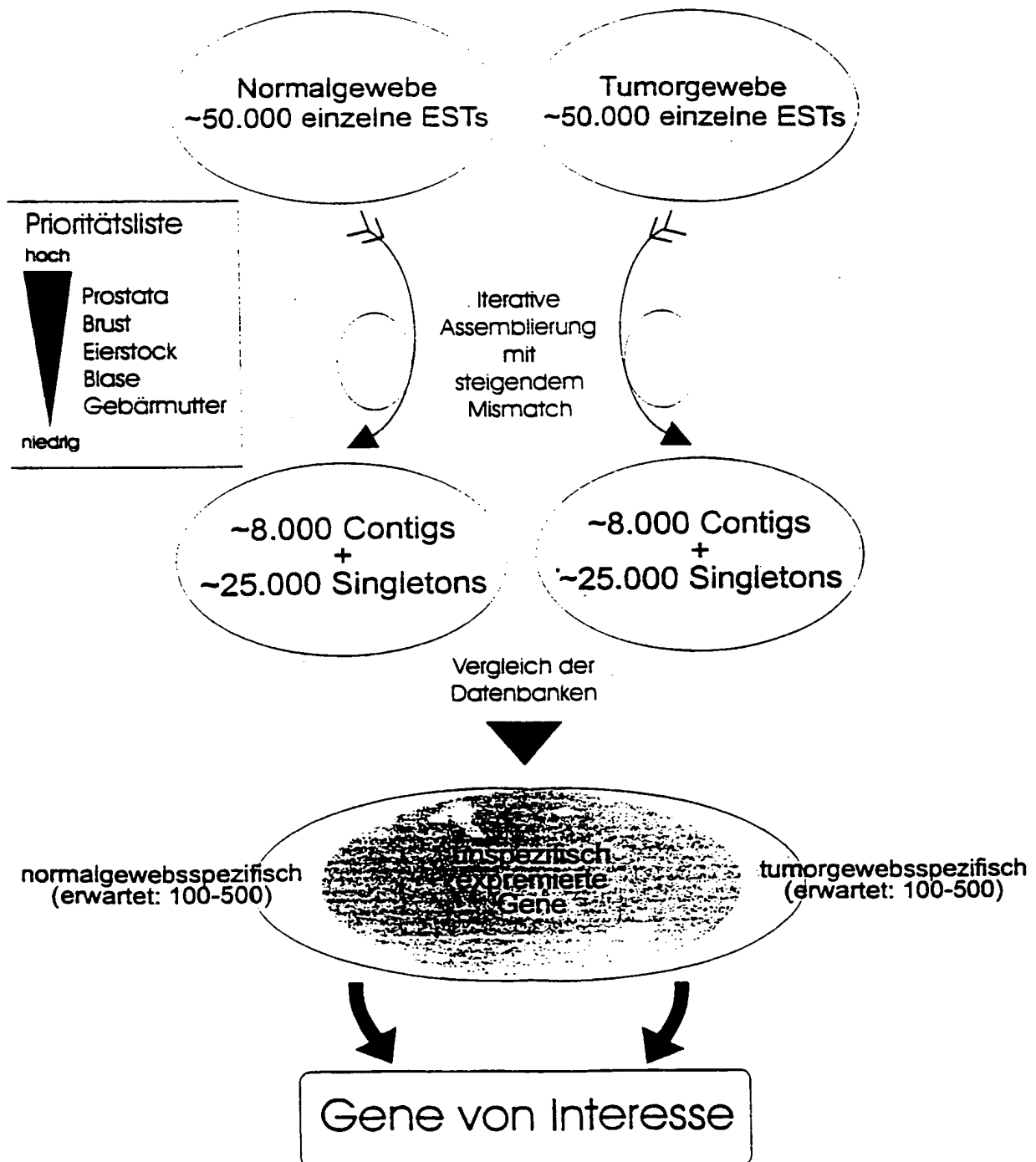
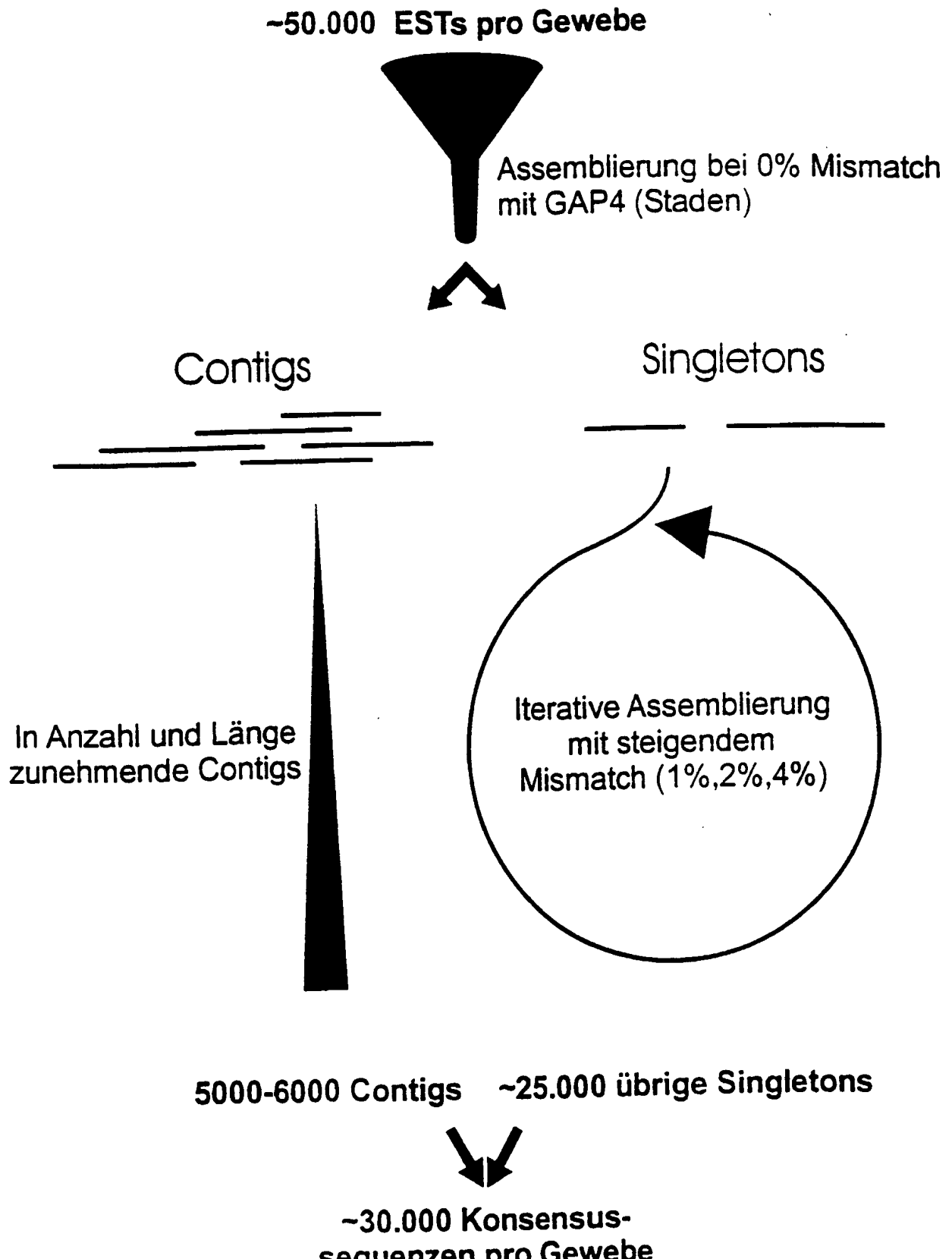


Fig. 1



Prinzip der EST-Assemblierung





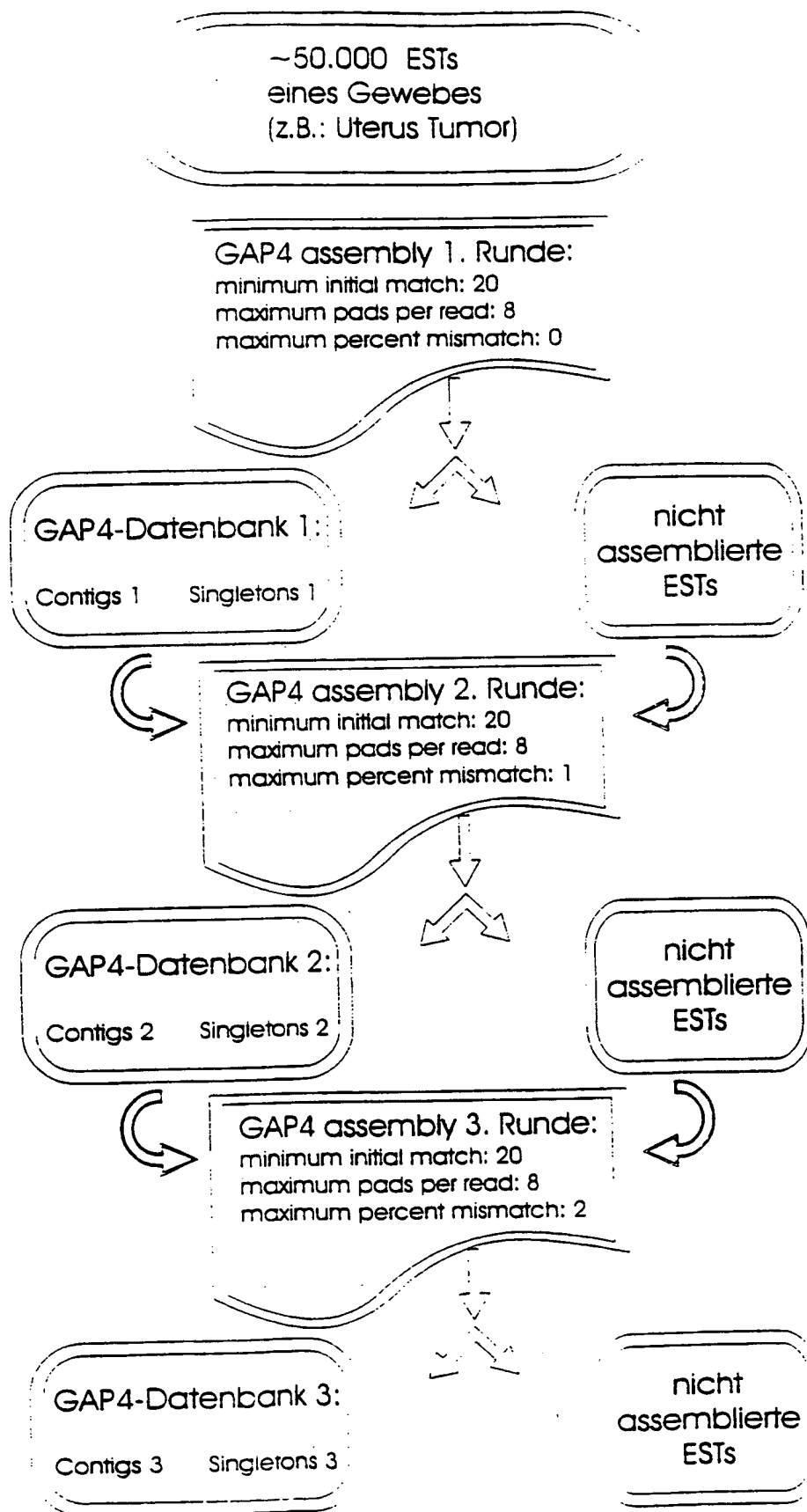


Fig. 2b1



.

.

.

.

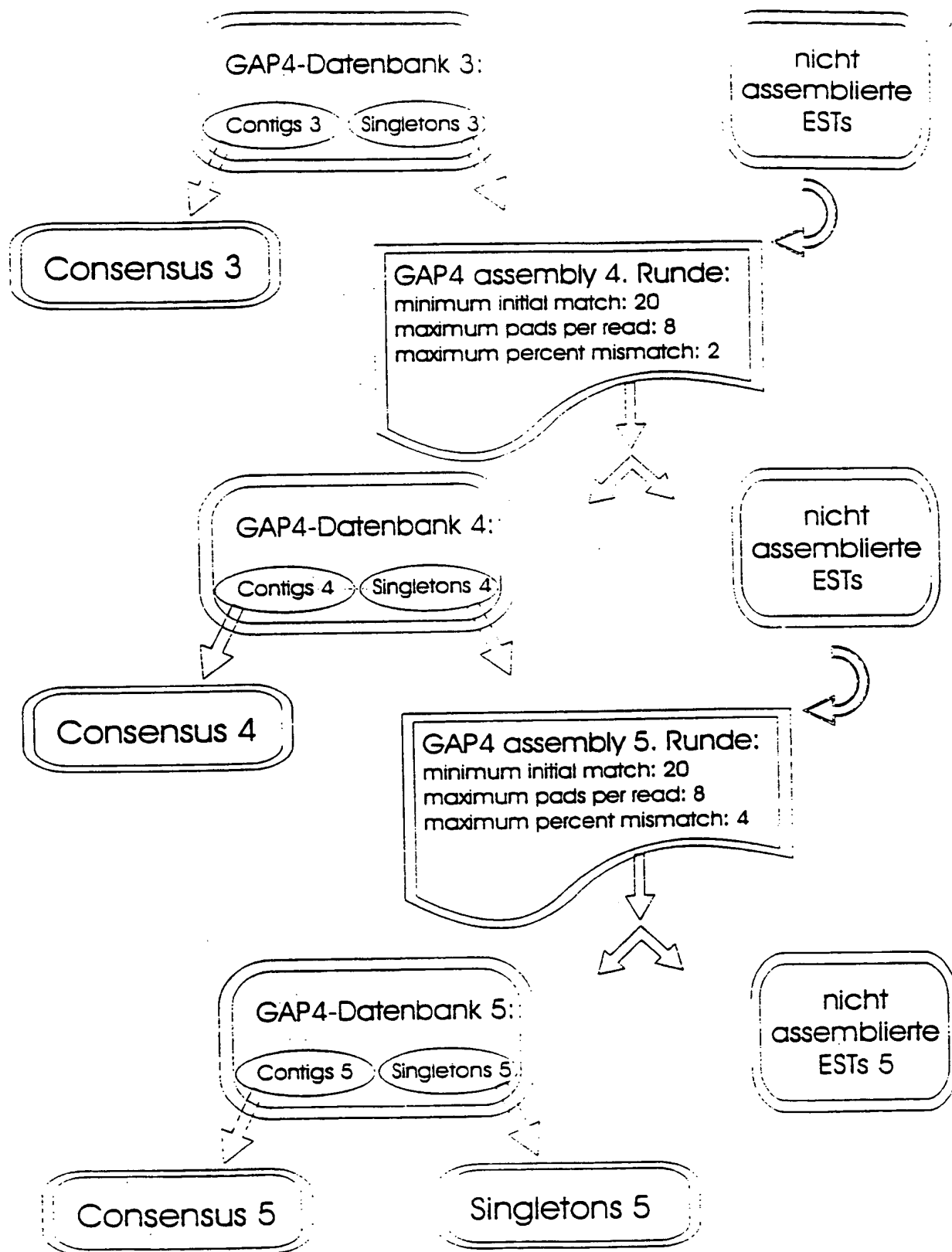


Fig. 2b2



.

.

.

.

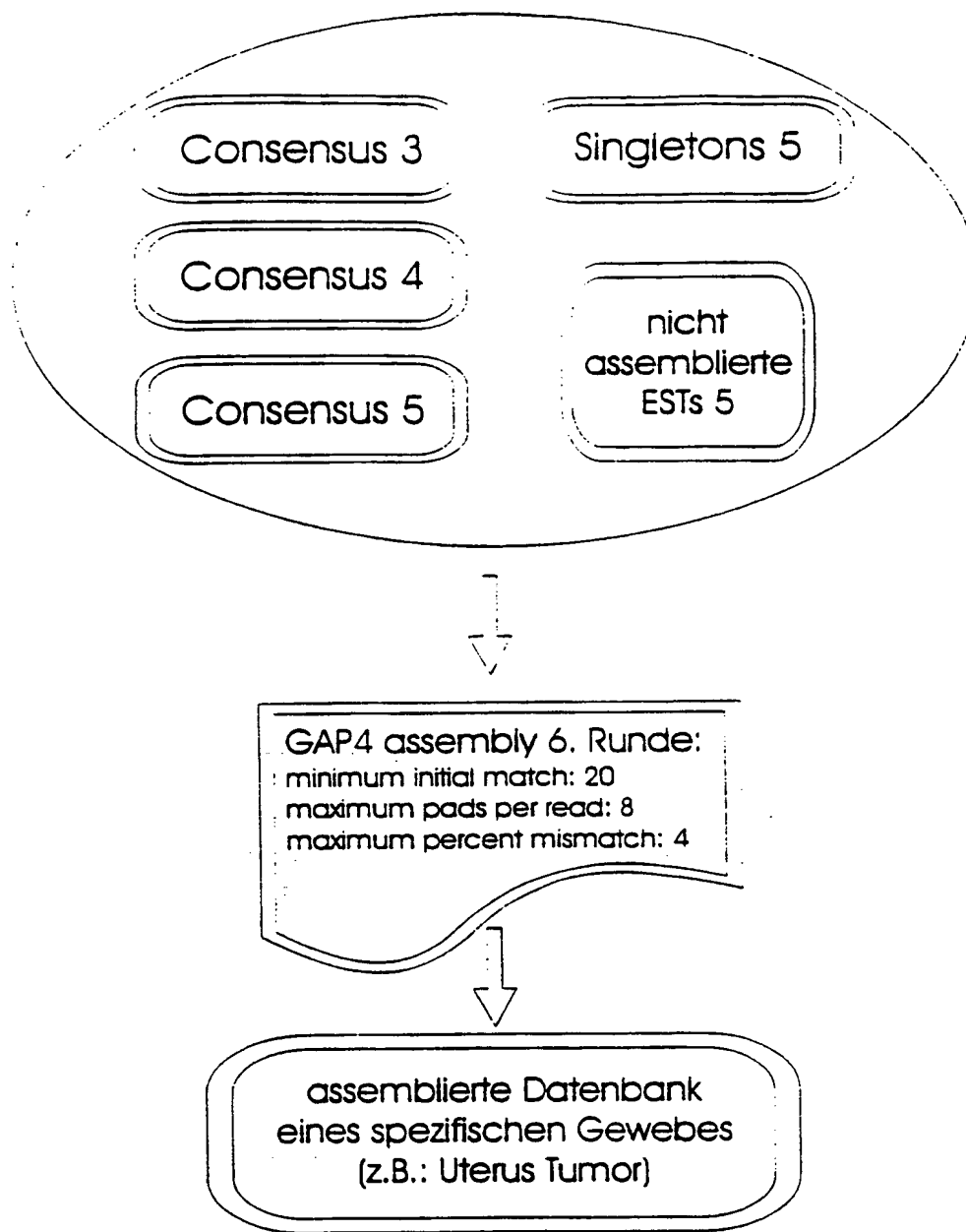


Fig. 2b3



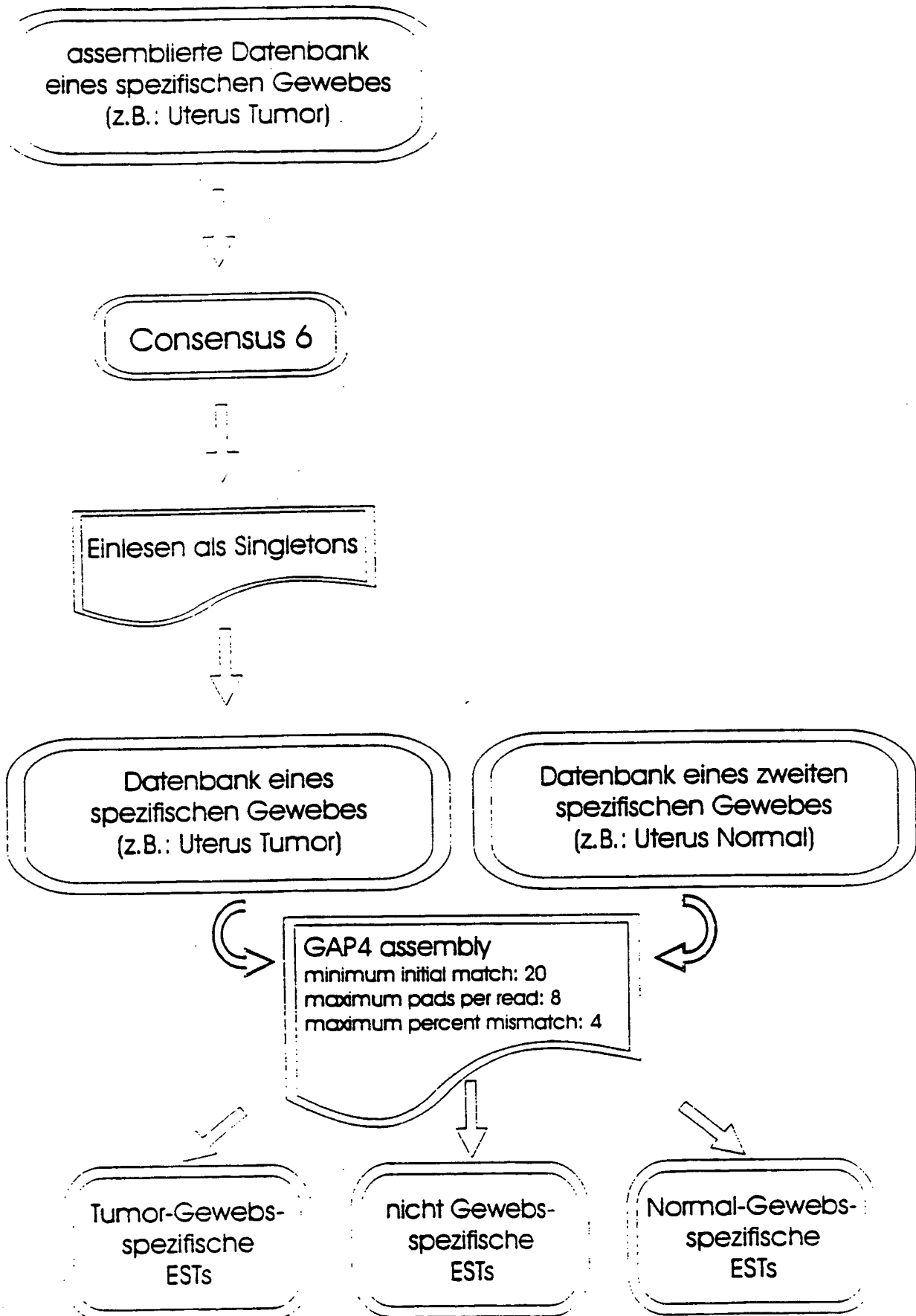


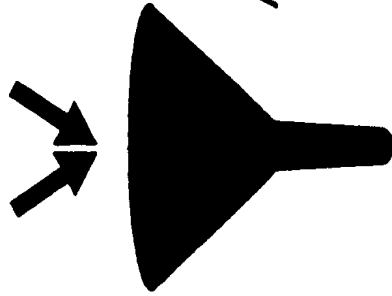
Fig. 2b4



Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



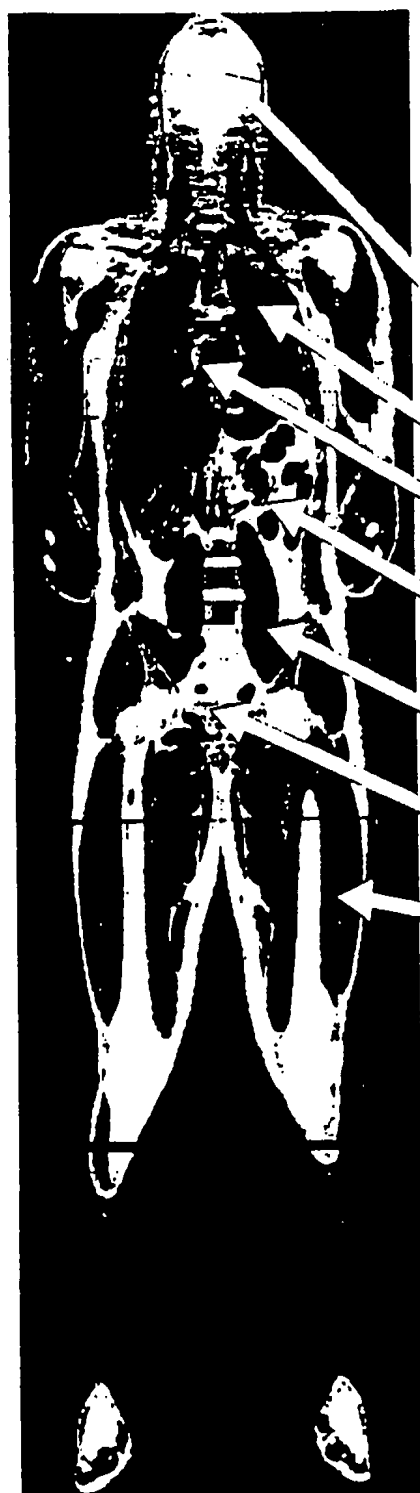
Assemblierung bei 4% Mismatch

Normalgewebe
Spezifische Gene

Krebsgewebe
Spezifische Gene

In beiden Geweben
exprimierte Gene





Gene von Interesse

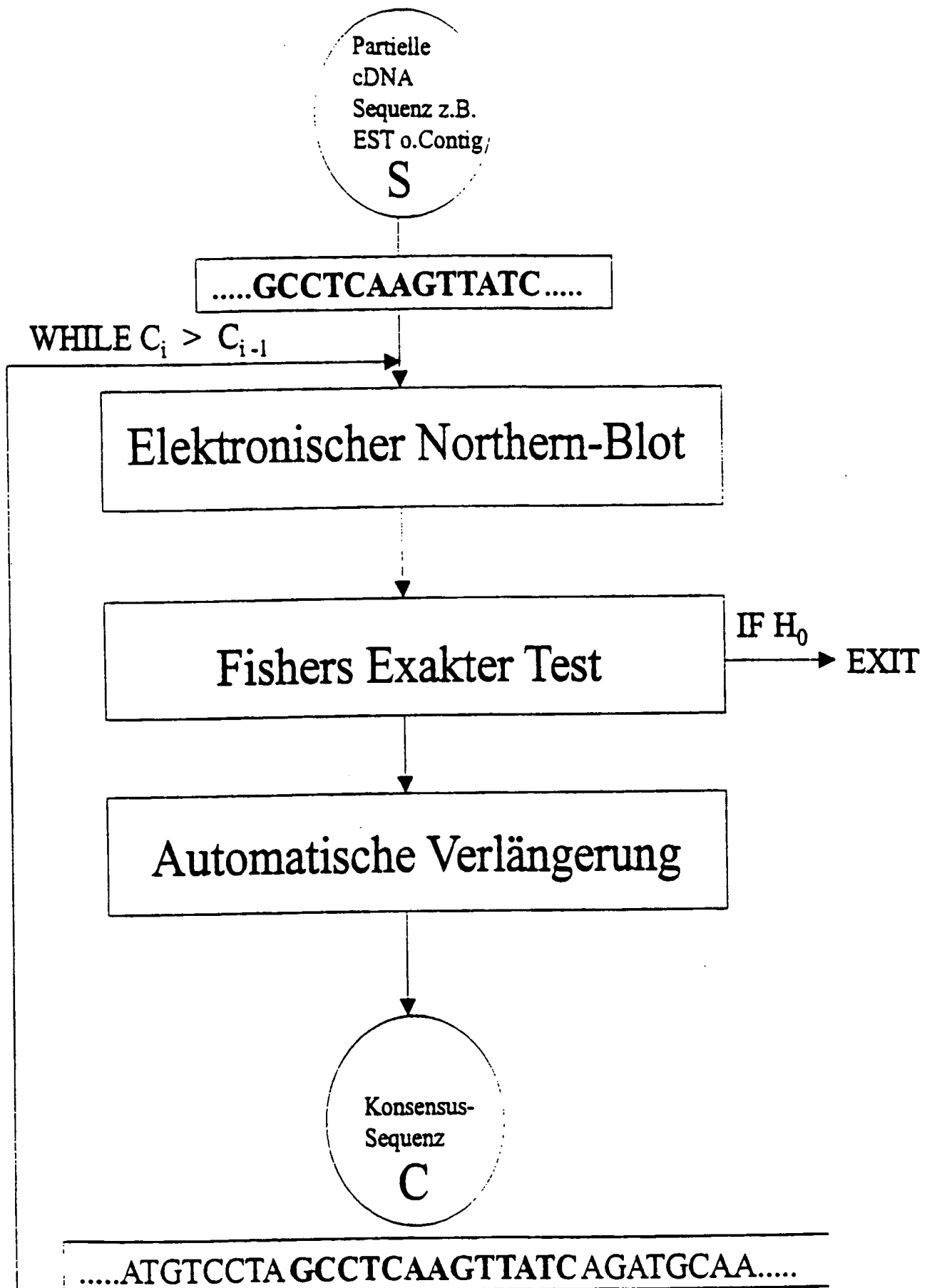


Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoralaktivatoren





Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

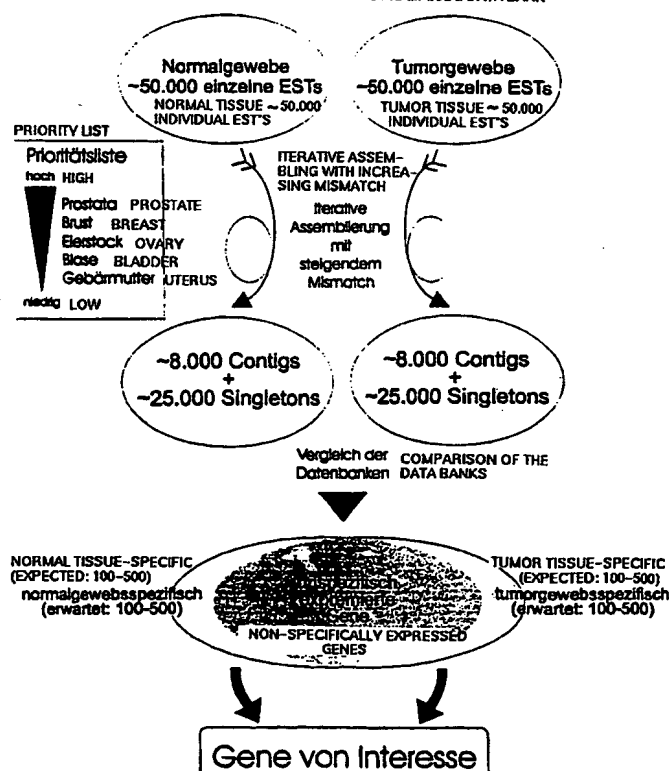
(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00		A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 4. November 1999 (04.11.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)			
(30) Prioritätsdaten: 198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE		Veröffentlicht Mit internationalem Recherchenbericht.	
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).		(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 15. Juni 2000 (15.06.00)	
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18
A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 the whole document ---	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 the whole document ---	1,5-10, 38
	-/--	



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

13 January 2000

Date of mailing of the international search report

22. 3. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Fuchs, U

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2 November 1995 (1995-11-02) abstract SEQ ID NO: 6673 page 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, vol. 208, no. 1, 16 February 1998 (1998-02-16), pages 25-30, XP004132007 abstract page 27; figure 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, vol. 7, no. 4, 1 October 1995 (1995-10-01), pages 825-829, XP000670300 page 827; figure 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 273, no. 27, 3 July 1998 (1998-07-03), pages 16798-16809, XP002126819 abstract page 16798, column 1, line 46 - line 47 page 16801; figure 1 page 16801, column 1, line 9 - line 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 the whole document --- -/--	1,5-7, 10,24

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01258

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue"</p> <p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH,</p> <p>vol. 27, no. 21,</p> <p>1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641</p> <p>the whole document</p> <p>-----</p>	<p>1-14,</p> <p>16-24,</p> <p>26-34,</p> <p>36-38</p>

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01258

B x I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 15, 25 and 35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See Supplemental Sheet Additional Matter PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

(1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Remark on Protest

☐

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

☐

No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Field I.2

Claims Nos. 15, 25 and 35

The relevant Patent Claim No. 15 relates to a DNA fragment which can be obtained according to Claim No. 14 and which comprises a gene. As the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure, no search was conducted for the DNA fragment laid claim to in Claim No. 15.

The relevant Patent Claim No. 25 relates to a polypeptide characterized by a worthwhile peculiarity or quality, i.e. the ability to bind to a polypeptide partial sequence according to Claim No. 23. For this reason, the patent claim comprises all polypeptides which exhibit this peculiarity or quality, whereas the description of the patent application does not provide any support under the terms of PCT Article 5 for such a polypeptide. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support or the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. Nevertheless, the patent claim also lacks the clarity required in PCT Article 6, whereby an attempt was made to define the polypeptide in terms of the outcome. This absence of clarity is such that it makes it impossible to conduct a meaningful search with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the polypeptides laid claim to in Claim No. 25.

The relevant Patent Claim No. 35 relates to an excessively large number of possible products which cannot be supported by the description under the terms of PCT Article 6 and cannot be regarded as being disclosed in the patent application under the terms of PCT Article 5. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the products laid claim to in Claim No. 35.

The applicant is therefore advised that patent claims or sections of patent claims laid to inventions for which no international search report was drafted normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). Similar to the authority entrusted with the task of carrying out the international preliminary examination, the EPO also does not generally carry out a preliminary examination of subject matter for which no search has been conducted. This is also valid in the case when the patent claims have been amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or in the case when the applicant submits new patent claims pursuant to the procedure in accordance with PCT Chapter II.

1. Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID NO: 1, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NO: 1; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

Inventions 2 to 178, Claims Nos. (1-14, 16-24, 26-34 and 36-38) in part

Nucleic acid sequence successively relating to the individual SEQ ID NOS: 2 to 157, 597 to 617, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; applications of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by the nucleic acid sequence SEQ ID NOS: 2-157, 597-617; polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (according to Table II) and the applications thereof; medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01258

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A	13-06-1995
		CA 2153480 A	01-06-1995
		WO 9514772 A	01-06-1995

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intern. Jnales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/63 C12N15/85 C07K16/18
A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehorende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM2 Eintrag No. AL020991 12. Dezember 1997 BIRD, C.: "Homo sapiens DNA sequence from PAC 884M20 on chromosome Xp11.21" XP002126820 das ganze Dokument	1,4-7, 10,23, 24,26,33
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST1 Eintrag No. AA554484 11. September 1997 NCI-CGAP: "ni36b01.s1 NCI CGAP Lu1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:978889" XP002126821 das ganze Dokument	1,5-10, 38



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

° Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 0 679 716 A (MATSUBARA, KENICHI & OKUBO, KOUSAKU) 2. November 1995 (1995-11-02) Zusammenfassung SEQ ID NO: 6673 Seite 1877	1,5, 7-10,34, 38
A	--- MÜLLER-PILLASCH, F. ET AL.: "Identification of a new tumor-associated antigen TM4SF5 and its expression in human cancer" GENE, Bd. 208, Nr. 1, 16. Februar 1998 (1998-02-16), Seiten 25-30, XP004132007 Zusammenfassung Seite 27; Abbildung 1	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
A	--- YOKOYAMA, M. ET AL.: "Betacellulin, a member of the epidermal growth factor family, is overexpressed in human pancreatic cancer" INTERNATIONAL JOURNAL OF ONCOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, 1. Oktober 1995 (1995-10-01), Seiten 825-829, XP000670300 Seite 827; Abbildung 3	1-14, 16-24, 26-34, 36-38
P,X	--- SURINYA, K.H. ET AL.: "Identification and Characterization of a Conserved Erythroid-specific Enhancer Located in Intron 8 of the Human 5-Aminolevulinate Synthase 2 Gene" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 273, Nr. 27, 3. Juli 1998 (1998-07-03), Seiten 16798-16809, XP002126819 Zusammenfassung Seite 16798, Spalte 1, Zeile 46 - Zeile 47 Seite 16801; Abbildung 1 Seite 16801, Spalte 1, Zeile 9 - Zeile 13 -& EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF068624 17. Juni 1998 COX, T.C.: "Homo sapiens 5-aminolevulinate synthase 2 (ALAS2) gene, complete cds" XP002126822 das ganze Dokument --- -/--	1,5-7, 10,24

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue"</p> <p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument</p> <p>-----</p>	<p>1-14, 16-24, 26-34, 36-38</p>

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01258

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erweisen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
 weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 15, 25 und 35
 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
 siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
 weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
 (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/01258

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 15, 25 und 35

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäss Anspruch 14 erhältliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit, an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Der Patentanspruch umfasst daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch ein Polypeptid liefert. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihm versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 35 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/01258

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 1 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 158, 159, 160 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 158, 159, 160.

Erfindungen 2 bis 178, Ansprüche: (1-14, 16-24, 26-34 und 36-38) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2 bis 157, 597 bis 617, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2-157, 597-617 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 161-596, 618-659 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 161-596, 618-659.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01258

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0679716 A	02-11-1995	AU 8116494 A CA 2153480 A WO 9514772 A	13-06-1995 01-06-1995 01-06-1995
